

1254-0K12P

Matsuura et al.
101042, 211
filed 01-11-02
RECEIVED
PTO
(703) 205-8000
AUG 27 2002
TECH CENTER 2000/2900
RECEIVED
JULY 2002
TECH CENTER 2000/2900
RECEIVED
JULY 2002
TECH CENTER 2000/2900



日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出願年月日

Date of Application:

2001年 3月26日

出願番号

Application Number:

特願2001-088912

[ST.10/C]:

[JP2001-088912]

出願人

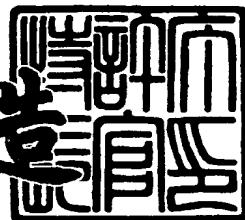
Applicant(s):

旭化成株式会社

2002年 5月 7日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2002-3032934

【書類名】 特許願
【整理番号】 X13-213
【提出日】 平成13年 3月26日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 C12N 15/00
C12N 15/10
【発明の名称】 新規遺伝子
【請求項の数】 33
【発明者】
【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内
【氏名】 松田 昭生
【発明者】
【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内
【氏名】 本田 剛一
【発明者】
【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内
【氏名】 村松 周治
【特許出願人】
【識別番号】 000000033
【氏名又は名称】 旭化成株式会社
【代理人】
【識別番号】 100091096
【弁理士】
【氏名又は名称】 平木 祐輔
【選任した代理人】
【識別番号】 100096183
【弁理士】
【氏名又は名称】 石井 貞次

【選任した代理人】

【識別番号】 100077425

【弁理士】

【氏名又は名称】 大屋 憲一

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 0007328

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項1】 以下の(a)または(b)の精製されかつ単離されたタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項2】 請求項1記載のタンパク質とその全長にわたり95%以上のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有する精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項3】 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47

7、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項4】 以下の(a)または(b)のポリヌクレオチド配列を含む単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるポリヌクレオチド配列および該単離されたポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a)のポリヌクレオチド配列とストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【請求項5】 請求項3記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項6】 請求項4記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項7】 請求項3～6のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドによりコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項8】 適合性の宿主に存在するとき、請求項3～6のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

【請求項9】 請求項8に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞。

【請求項10】 請求項1または2に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、9記載の細胞の膜。

【請求項11】 (a) 請求項3～6のいずれか1つに記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収する、
ことを含むタンパク質の製造方法。

【請求項12】 (a) 個体のゲノムにおける請求項1または2に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾患への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上あるいは1／2以下の場合に病気であると診断する方法。

【請求項13】 以下の工程を含むNF- κ Bの阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- κ Bを活性化するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- κ B

- の活性化に対応した、検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、
 (b) 該遺伝子が該形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、
 (c) 該形質転換された細胞と1あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、
 (d) 検出可能なシグナルを測定する工程；および
 (e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

【請求項14】 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

- (a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、
 (b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、
 (c) 該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、
 (d) 検出可能なシグナルを測定する工程、
 (e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。
 (f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【請求項15】 NF- κ B活性化の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、

- (a) NF- κ Bを活性化するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- κ Bの活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および
 (b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【請求項16】 請求項1または2に記載のタンパク質に特異的に結合する

モノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

【請求項17】 請求項1または2に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することからなる、請求項1または2記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【請求項18】 NF- κ Bの活性化タンパク質の発現を阻害する、請求項3～6のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

【請求項19】 請求項1または2記載のタンパク質をコードするRNAの開裂あるいは、I κ Bの分解へ導く経路のタンパク質をコードするRNAの開裂により、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

【請求項20】 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される疾患の治療に有効な量の請求項13記載の方法でスクリーニングされた化合物および／または請求項16記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または請求項18記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または請求項19記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

【請求項21】 NF- κ Bを阻害または活性化するものとして請求項14に記載の方法により製造された医薬組成物。

【請求項22】 NF- κ Bの活性化の阻害剤として炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染の治療のための請求項21記載の医薬組成物。

【請求項23】 NF- κ B活性化を患っている患者に請求項14記載の方法により製造された化合物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染を治療する方法。

【請求項24】 NF- κ Bの活性化剤としてGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎の治療のための請求項21記載の医薬組成物。

【請求項25】 NF- κ Bの阻害を患っている患者に請求項14記載の方法により製造された化合物を投与することからなるGVHD、Toxic ep

idermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎を治療する方法。

【請求項26】 請求項16記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項27】 請求項18記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項28】 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される、請求項26または27に記載の医薬組成物。

【請求項29】 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

- (a) オリゴキヤッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製し、
 - (b) 完全長cDNAおよび該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに
 - (c) シグナルを発するプラスミドを選択する、
- 方法。

【請求項30】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、1

09、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【請求項31】 請求項30に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

【請求項32】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質。

【請求項33】 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質、該タンパク質を

コードするDNA、該DNAの取得方法、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体ならびに該蛋白質と特異的に反応する抗体に関する。また、本発明は、NF- κ Bの過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防を行う際の本発明のタンパク質、DNAまたは抗体の使用に関する。

また本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する作動する物質をスクリーニングする方法に関する。

【0002】

【従来の技術】

転写因子NF- κ B (N u c l e a r f a c t o r κ appa B) は、炎症や免疫反応に関する種々の遺伝子の転写調節において重要な役割を果たしている。NF- κ Bは、Relファミリーに属するホモあるいはヘテロ二量体からなり、無刺激の状態では、制御タンパク質であるI κ B (Inhibitory protein of NF- κ B) と複合体を形成することによりその核移行シグナルが覆い隠され、細胞質内で不活性型として存在する。

【0003】

細胞にインターロイキン(IL)-1、腫瘍壞死因子(TNF)- α などのサイトカインの刺激が与えられると、I κ BはIKK (I κ B kinase) によってリン酸化され、ユビキチン化を経て26Sプロテアソームにより分解される。これにより遊離されたNF- κ Bは核内に移行し、NF- κ B結合配列と呼ばれているDNA配列に結合し、その制御下の遺伝子の転写を誘導する。NF- κ Bによって発現調節を受けているとされている遺伝子は免疫グロブリン遺伝子の他、IL-1、TNF- α などの炎症性サイトカイン、インターフェロン、細胞接着因子等が知られており、NF- κ Bはこれらの遺伝子の発現誘導を介して、炎症や免疫応答に関わっている。

【0004】

NF- κ Bの機能あるいは活性化を阻害することによって、炎症・免疫疾患やその他の疾病、たとえば腫瘍増殖、に関与している多くの因子(タンパク質)の

発現を抑制できる可能性があり、自己免疫や炎症を原因・症状とする疾患に対する医薬の有望な標的である〔たとえば、Clinical Chemistry 45, 7-17 (1999)、J. Clin. Pharmacol. 38, 981-993 (1998)、Gut 43, 856-860 (1998)、The New England Journal of Medicine 336, 1066-1071 (1997)、TiPS 46-50 (1997)、The FASEB Journal 9, 899-909 (1995)、Nature 395, 225-226 (1998)、Science 278, 818-819 (1997)、Cell 91, 299-302 (1997)〕。

【0005】

細胞外からの情報は、何らかのシグナルの形に変えて、細胞膜を通過し細胞質をこえて核に到達し、標的遺伝子の発現を調節して細胞の応答が引き起こされる。そのため、細胞外の刺激からNF- κ Bの活性化に至る細胞内におけるシグナル伝達の仕組みを解明することは、自己免疫疾患や炎症症状を呈する疾患に対する新たな医薬の開発あるいは治療法の開発に非常に重要な手段を提供することとなり、極めて重要な意義を有している。

【0006】

しかしながら、細胞が一定の刺激を受けてからNF- κ Bの活性化に至るまでのシグナル伝達経路にはプロテインキナーゼなどの各種伝達分子が関わる多くのステップの存在が考えられ、従って、より効率的な創薬研究のためには、主要な役割を果たす伝達分子を明らかにした上でそれらに焦点をしぼった新しい薬物スクリーニング方法を確立することが望まれる。しかし、NF- κ Bの活性化のメカニズムは上記IKK、ユビキチン化酵素、26Sプロテアソームの他、TNF receptor associated factor 2 (TRAF2) やNF- κ B inducing kinase (NIK)などの幾つかのシグナル伝達分子が同定され、少しずつ解明されつつあるものの、いまだ不明な点が多く、新たなシグナル伝達分子の同定とより進んだNF- κ B活性化メカニズムの解明が望まれていた。

【0007】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の課題は、上記のように有用なNF- κ Bを活性化する作用を有する新規な遺伝子、タンパク質を見出し、これを医薬、診断薬、医療の分野で利用する方法を提供することにある。即ち、NF- κ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質、該タンパク質をコードするDNA、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体、該タンパク質の製造方法、該タンパク質またはその部分ペプチドに対する抗体、該抗体の製造方法を提供する。

【0008】

また、本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質をスクリーニングする方法、該スクリーニング用キット、該スクリーニング方法もしくはスクリーニング用キットを用いて得られるNF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質、該物質の製造方法、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質を含有している医薬などを提供する。

【0009】

【課題を解決するための手段】

近年、生体内で発現している遺伝子を解析する手段として、cDNAの配列をランダムに解析する研究が活発に行われており、このようにして得られたcDNAの断片配列がEST (Expressed Sequence Tag、たとえば<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST>) として、データベースに登録され公開されている。しかし、ESTは配列情報のみであり、その機能を推定することは困難である。また、ESTはUniGene (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene>) により整備され、これまでに約8万種のESTが登録されている。しかし、その多くは5'端又クレオチド配列を欠損しており、タンパク質翻訳開始部位を含まない。そのため、mRNAのコード領域の決定を前提とするタンパク質の機能解析、プロモーターの解析による遺伝子発現制御の理解といった遺伝子機能の解析に直結しているとは言いがたい。

【0010】

一方、遺伝子の産物、すなわちタンパク質の機能を解明する方法の一つに、動

物細胞を用いた一過性発現クローニング法がある（たとえば、実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック）。この方法は、動物細胞発現ベクターを用いて作製した cDNA ライブラリーを、動物細胞にトランスフェクションすることで機能的なタンパク質を直接発現させ、このタンパク質が細胞に及ぼす生物活性を指標として cDNA を同定、クローニングする方法である。この方法では、目的とするタンパク質産物に関する化学的情報（アミノ酸配列や分子量）をあらかじめ必要とせず、細胞内や培養液中に発現しているタンパク質の特異的生物活性を検出して cDNA クローンの同定を行うことができる。

【0011】

この発現クローニングを効率良く行なうためには、cDNA ライブラリーの作製方法を工夫する必要がある。なぜなら、従来より汎用されている cDNA ライブラリー作製方法には幾つかの方法があるが（たとえば Gubbel-Hofmann の方法：Gene 25 (1983) オカヤマーバーグの方法：Mol. Cell. Biol. 2 (1982)）、これらの方法によって作製された cDNA は、そのほとんどが 5' 末端ヌクレオチド配列を欠損したものであり、完全長 (mRNA の全ヌクレオチド配列を含む) であることは稀であるからである。その理由は、mRNA から cDNA を作るのに使用する逆転写酵素が、完全長の cDNA を作る効率が必ずしも高くないからである。

【0012】

さらに、遺伝子の機能解析を試みるに際しては、完全長 cDNA をクローニングし、そこからタンパク質を発現させることが必須の要件である。従って、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーを作製することが、発現クローニングを効率良く行なうために必要であった。

【0013】

本発明者らは、上記課題を解決するために銳意研究を重ねた結果、オリゴキヤッピング法を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製し、293EBNA 細胞を用いたアッセイ系を完成し、該アッセイ系により NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする新規 DNA (cDNA) を単離することに成功した。この新規 DNA は、293EBNA 細胞内で発現させることにより NF-

κ Bの活性化を誘発した。この結果は、この新規DNAがNF- κ Bの活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示しており、本発明を完成するに至った。

【0014】

すなわち、本発明は

- (1) 以下の(a)または(b)の精製され、かつ単離されたタンパク質。
- (a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0015】

- (b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0016】

- (2) 上記(1)記載のタンパク質とその全長にわたり少なくとも95%のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有する、精製されかつ単離されたタンパク質。

- (3) 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列

を包含する、単離されたポリヌクレオチド。

【0017】

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0018】

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0019】

(4) 以下の(a)または(b)のポリヌクレオチド配列を含む単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、13

2、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるポリヌクレオチド配列および該単離されたポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a) のポリヌクレオチドとストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【0020】

(5) 上記(3)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(6) 上記(4)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【0021】

(7) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドによりコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

(8) 適合性の宿主に存在するとき、上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

(9) 上記(8)に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞。

【0022】

(10) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、上記(9)記載の細胞の膜。

(11) (a) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収することを含む、
タンパク質の製造方法。

【0023】

(12) (a) 個体のゲノムにおける上記(1)または(2)に記載のタンパ

ク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上の場合あるいは1／2以下の場合に病気であると診断する方法。

【0024】

(13) 以下の工程を含むNF- κ Bの阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- κ Bを活性化するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- κ Bの活性化に対応した、検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程

(b) 該遺伝子が該形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と1あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程；および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

【0025】

(14) 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

- (d) 検出可能なシグナルを測定する工程、
- (e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。
- (f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【0026】

- (15) NF- κ B活性化の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、
 - (a) NF- κ Bを活性化するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- κ Bの活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および
 - (b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【0027】

- (16) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。
- (17) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントととして非ヒト動物に投与することからなる、上記(1)または(2)記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【0028】

- (18) NF- κ Bの活性化タンパク質の発現を阻害する、上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

- (19) 上記(1)または(2)記載のタンパク質をコードするRNAの開裂あるいは、I κ Bの分解へ導く経路のタンパク質をコードするRNAの開裂により、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

【0029】

- (20) 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される

疾患の治療に有効な量の上記（13）記載の方法でスクリーニングされた化合物および／または上記（16）記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または上記（18）記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または上記（19）記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

【0030】

（21）NF- κ Bを阻害または活性化するものとして上記（14）に記載の方法により製造された医薬組成物。

（22）NF- κ Bの活性化の阻害剤として炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染の治療のための上記（21）記載の医薬組成物。

【0031】

（23）NF- κ B活性化を患っている患者に上記（14）記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染を治療する方法。

（24）NF- κ Bの活性化剤としてGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎の治療のための上記（21）記載の医薬組成物。

【0032】

（25）NF- κ Bの阻害を患っている患者に上記（14）記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなるGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎を治療する方法。

【0033】

（26）上記（16）記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

（27）上記（18）記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

【0034】

（28）対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から

選択される、上記（26）または（27）に記載の医薬組成物。

（29） 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

- (a) オリゴキヤッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製し、
- (b) 完全長cDNAおよび該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに
- (c) シグナルを発するプラスミドを選択する。

【0035】

（30） 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【0036】

（31） 上記（30）に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

(32) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148および150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質。

【0037】

(33) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【0038】

まず、本発明の基本的特徴を更に明らかにするために、本発明の完成に至る経緯を追いながら、本発明について説明する。N F - κ B を活性化する作用を有する新規遺伝子を取得する目的で、実施例に示すように、以下の実験を実行した。まずヒト正常肺線維芽細胞（三光純薬株式会社より購入）より調整したm R N A より、オリゴキヤッピング法によって完全長c D N A を作製し、該c D N A をベクターp M E 1 8 S - F L 3 (GenBank Accession AB009864) に組み込んだ完全長c D N A ライブラリーを作製した。次に、該c D N A ライブラリーを大腸菌に導入し、1 クローンずつプラスミドを調整した。次に、2 9 3 - E B N A 細胞（インビトロジェン社）に、ルシフェラーゼをコードするDNAを含有するp N F . κ

B-Luc レポータープラスミド (STRATAGENE社) と上記の完全長 cDNA プラスミドとを共導入した。そして、24時間あるいは48時間培養後、ルシフェラーゼ活性を測定し、ルシフェラーゼ活性が対照実験（完全長 cDNA の代わりに、ベクター pME18S - FL3 を入れた細胞）と比べて有意に上昇している（対照実験と比べてルシフェラーゼ活性が10倍以上の値を示した）プラスミドを選抜し、該プラスミドにクローニングされている cDNA の全ヌクレオチド配列を決定した。このようにして得られた cDNA によりコードされるタンパク質は、該タンパク質が NF- κ B の活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示している。

【0039】

次に、以下に本発明について詳細に説明する。

配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 または 149 のアミノ酸配列に関連して、本発明は、以下のタンパク質を提供する。

【0040】

- (a) 上記アミノ酸配列を含むタンパク質。
- (b) 上記アミノ酸配列の1つを有するペプチド。
- (c) NF- κ B を活性化し、かつ上記アミノ酸配列において、1以上のアミノ酸の削除、置換または付加を有するタンパク質。
- (d) その全長にわたり以下の配列番号のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99% の同一性を有するアミノ酸配列を含むタンパク質。
- (e) その全長にわたり以下の配列番号のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99% の同一性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質。

【0041】

“同一性”とは、当該技術で知られているとおり、配列を比較することにより決定される、2以上のタンパク質あるいは2以上のポリヌクレオチドの間の関係である。当該技術で“同一性”とは、またタンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の適合によって、あるいは場合によっては、一続きのそのような配列間の適合によって決定されるような、タンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の配列相関性の程度を意味する。“同一性”および“類似性”は、既知の方法により容易に決定できる。同一性を決定する好ましい方法は、試験する配列間で最も長く適合するように設計される。同一性および類似性を決定するための方法は、公に利用可能なプログラムにコードされている。相同性決定には、AltschulらによるBLAST (Basic Local Alignment Search Tool) プログラム（たとえば、Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ., J. Mol. Biol., 215: p40 3-410 (1990), Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Miller W, Lipman DJ., Nucleic Acids Res. 25: p3389-3402 (1997)）を利用し決定することができる。

上記した配列番号1等に記載されたアミノ酸配列からなるタンパク質がNF- κ Bを活性化する作用を有することは、本願明細書実施例に記載の通りである。

【0042】

配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150のポリヌクレオチドに関連して、本発明は、また以下の単離されたポリヌクレオチドを提供する。

【0043】

(a) 上記配列に少なくとも95%、好ましくは97-99%の同一性を有するヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド。

(b) その全長にわたり上記配列に少なくとも95%、好ましくは、97~99%の同一性を有するヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド。

(c) 上記配列のポリヌクレオチド。

(d) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149のアミノ酸配列に少なくとも95%、好ましくは97~99%の同一性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド。

【0044】

上記ヌクレオチド配列に含まれるヌクレオチド配列に同一または十分に同一なポリヌクレオチドは、cDNAまたはゲノムDNAのためのハイブリダイゼーションプローブとして、あるいは本発明のタンパク質をコードする全長cDNAおよびゲノムクローンを単離し、また上記配列に対する相同意の高い他の遺伝子のcDNAまたはゲノムクローンを単離するための核酸増幅反応のためのプライマーとして使用してもよい。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記配列に70%同一であり、好ましくは、80%同一であり、より好ましくは90%同一であり、最も好ましくは、95%同一である。プローブまたはプライマーは、一般的には少なくとも15ヌクレオチドを含有し、好ましくは30ヌクレオチドを含有し、50ヌクレオチドを含有してもよい。特に好ましいプローブは、30~50ヌクレオチドを有する。特に好ましいプライマーは、20~25ヌクレオチドを有する。

【0045】

本発明のポリヌクレオチドは、DNAの形態(たとえば、cDNAおよびクローニングによって得られるか、あるいは合成的に生成されるゲノムDNAを含む

)であってもよく、RNA(たとえばmRNA)の形態であってもよい。該ポリヌクレオチドは、二本鎖であっても、一本鎖であってもよい。二本鎖の場合は、二本鎖DNA、二本鎖RNAまたはDNA:RNAのハイブリッドであってもよい。一本鎖の場合は、センス鎖(コード鎖としても知られる)であっても、アンチセンス鎖(非コード鎖としても知られる)であってもよい。

【0046】

当業者であれば、公知の方法を用いてこのタンパク質中のアミノ酸の置換などを適宜行い、配列番号1等に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を作製することが可能である。一つの方法としては、該タンパク質をコードするDNAに対して、慣用の突然変異誘発法を使用する方法がある。別の方法としてはたとえば部位特異的変異法(たとえば宝酒造株式会社のMutant-Super Express Km キット)が挙げられる。また、タンパク質のアミノ酸の変異は自然界においても生じうる。このようにアミノ酸の欠失、置換、付加により配列番号1等のタンパク質に対してアミノ酸配列が変異した変異体であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質及び該タンパク質をコードするDNAも本発明に含まれる。変異の数は、好ましくは10まで、より好ましくは5まで、最も好ましくは3までが好ましい。

【0047】

アミノ酸置換の例としては、以下のグループ内での置換が挙げられる。(グリシン、アラニン)(バリン、イソロイシン、ロイシン)(アスパラギン酸、グルタミン酸)(アスパラギン、グルタミン)(セリン、トレオニン)(リジン、アルギニン)(フェニルアラニン、チロシン)。

【0048】

当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術などを用いて配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101

、103、105、107、109、111、113、115、117、119
 、121、123、125、127、129、131、133、135、137
 、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするDNA（たとえば配列番号2）またはその一部を基に、これと類似性の高いDNAを単離して、該DNAから配列番号1等で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を得ることも通常行い得ることである。このように上記した配列番号1等で表されるアミノ酸配列のタンパク質と高い同一性を有するタンパク質であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質も本発明のタンパク質に含まれる。高い同一性とは、上記配列番号1等の全長にわたり少なくとも90%、好ましくは、少なくとも97-99%の同一性を有するアミノ酸配列を示す。

【0049】

本発明のタンパク質としては、ヒトや哺乳動物のあらゆる細胞や組織に由来する天然のタンパク質でもよく、化学合成タンパク質であってもよく、また遺伝子組換え技術によって得られたタンパク質でもよい。タンパク質は糖鎖やリン酸化などの翻訳後修飾は受けていても受けていなくても良い。

【0050】

本発明は、上記で示される本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドである。上記の配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列としてより具体的には、たとえば配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、

38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるヌクレオチド配列が挙げられる。DNAはcDNAのほか、ゲノムDNA、化学合成DNAも含まれる。遺伝暗号の縮重に従い、遺伝子から生産されるタンパク質のアミノ酸配列を変えることなく配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列の少なくとも1つのヌクレオチドを他の種類のヌクレオチドに置換することができる。従って、本発明のDNAはまた、遺伝暗号の縮重に基づく置換によって変換されたヌクレオチド配列も含有する。このようなDNAは、公知の方法により合成することができる。

【0051】

本発明のDNAは、配列番号2等で表されるヌクレオチド配列からなるDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNAも含まれる。ストリンジェントな条件とは、当業者には十分理解できることであり、たとえば、T. Maniatisらの実験操作書(Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 1982, 1989)に従えば容易に実施できる。

【0052】

すなわち、ストリンジエントな条件とは、30%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中（ $5 \times$ SSC（0.75MのNaCl、75mMのクエン酸三ナトリウム）、 $5 \times$ デンハルト溶液、0.5% SDS、 $100 \mu\text{g}/\text{ml}$ の変性せん断サケ精子DNA）で37℃のインキュベーションを一晩行い、その後 $2 \times$ SSC、0.1% SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで $1 \times$ SSC、0.1% SDS中、37℃で10分の洗浄を2回行う条件である（低ストリンジエンシー）。より好ましい条件は、40%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後 $2 \times$ SSC、0.1% SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで $0.2 \times$ SSC、1% SDS中、42℃で10分の洗浄を2回行う条件である（中ストリンジエンシー）。最も好ましい条件は、50%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後 $2 \times$ SSC、0.1% SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで $0.2 \times$ SSC、0.1% SDS中、50℃で10分の洗浄を2回行う条件である（高ストリンジエンシー）。この際、得られたDNAは、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードすることが必須である。

【0053】

本発明は、上記（3）あるいは（4）のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列と高い類似性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを含む。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記（3）または（4）のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列の全長にわたり95%同一であり、より好ましくは97%同一であり、最も好ましくは少なくとも99%同一である。

上記の本発明のDNAは、前述のタンパク質を、組換えDNA技術を用いて製造するのに用いることができる。本発明のDNA及びペプチドは、概略以下のようにして得ることができる。

【0054】

- (A) 本発明のタンパク質をコードするDNAをクローニングする。
- (B) タンパク質の全コード領域あるいはその一部をコードするDNAを発現用

ベクターに組み込んで、組換えベクターを構築する。

- (C) 構築した組換えベクターにより、宿主細胞を形質転換する。
- (D) 得られた細胞を培養し、該タンパク質、またはその類縁体を発現させ、カラムクロマトグラフィーにより精製する。

【0055】

上記の工程中でDNA、組換え体宿主としての大腸菌等の取り扱いに必要な一般的な操作は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。使用する酵素、試薬類も全て市販の製品を用いることができ、特に断らない限り、製品で指定されている使用条件に従えば、完全にそれらの目的を達成することができる。以下に上記(A)～(D)の工程について更に詳しく説明する。

【0056】

上記(A)における本発明のタンパク質をコードするDNAのクローニングの手段としては、本願明細書実施例に記載した方法の他に、本発明のヌクレオチド配列（たとえば配列番号2）を有する合成DNAをプライマーとしたPCR法によって増幅する方法、あるいは、適当なベクターに組み込んだDNAを本発明のタンパク質の一部あるいは全領域をコードするDNA断片もしくは合成DNAを標識したものとのハイブリダイゼーションによって選別すること、などが挙げられる。細胞、組織より全RNAまたはmRNA画分を調製したものを用いて直接Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR法)によって増幅することもできる。適当なベクターに組み込んだDNAとしては、たとえば市販されている(CLONTECH社、STRATAGENE社)ライブラリーを使用することができる。ハイブリダイゼーションの方法は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。クローン化された本発明のタンパク質をコードするDNAは目的によりそのまま、または所望により制限酵素で消化したり、リンカーを付加したりして使用することができる。上記のようにして得られるDNAは、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、

34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、
 58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、
 82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、1
 04、106、108、110、112、114、116、118、120、1
 22、124、126、128、130、132、134、136、138、1
 40、142、144、146、148または150に記載のヌクレオチド配列
 を有する遺伝子であるか、あるいは前述の(3)～(6)のポリヌクレオチドであればよい。上記(B)において発現ベクターに組み込むDNAは、上述のタンパク質の全長をコードする全長cDNAでも、DNA断片でも良いし、その一部分を発現する様に構築されたDNA断片でも良い。

【0057】

すなわち、本発明は、上記のDNAを含有する組換えベクターである。本発明のタンパク質の発現ベクターは、たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNAから目的とするDNA断片を切り出し、該DNA断片を適当な発現ベクター中のプロモーターの下流に連結することにより製造することができる。

【0058】

用いる発現ベクターとしては、複製可能であれば、大腸菌をはじめとする原核生物由来、酵母由来、真菌由来、昆虫ウイルス由来、脊椎動物ウイルス由来いずれのベクターでも良いが、宿主として使用する微生物または細胞に適したものを選択する必要がある。また、発現物に応じて、宿主細胞ー発現ベクター系としては、適切な組み合わせが選択される。

【0059】

微生物を宿主として使用する場合、これら微生物に適したプラスミドベクターが組み換え体DNAの複製可能な発現ベクターとして一般に用いられる。

たとえば、大腸菌を形質転換するためのプラスミドベクターとしては、プラスミドpBR322やpBR327などを用いることができる。プラスミドベクターは通常複製起源、プロモーター、及び組換え体DNAで形質転換した細胞を選別するのに有用な表現型を組換え体DNAに与えるマーカー遺伝子等を含んでいる。プロモーターの例としては、β-ラクタマーゼプロモータ、ラクトースプロ

モーター、トリプトファンプロモーター等が挙げられる。マーカー遺伝子の例としては、アンピシリン耐性遺伝子やテトラサイクリン遺伝子などが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpBR322、pBR327の他に、pUC18、pUC19等が挙げられる。

【0060】

酵母で本発明のDNAを発現するためには、複製可能なベクターとして、たとえばYEp24を用いることができる。プラスミドYEp24はURA3遺伝子を含有しており、このURA3遺伝子をマーカー遺伝子として利用することができる。酵母細胞用の発現ベクターのプロモーターの例としては、3-ホスホグリセレートキナーゼ、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼなどの遺伝子のプロモーター等が挙げられる。

【0061】

真菌で本発明のDNAを発現するための発現ベクターに用いられるプロモーター及びターミナーターの例としては、ホスホグリセレートキナーゼ(PGK)、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ(GAPD)、アクチシン等の遺伝子プロモーター及びターミネーターが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpPGACY2、pBSFAHY83等が挙げられる。

昆虫細胞で本発明のDNAを発現させるための発現ベクターに用いられるプロモーターの例としては、ポリヘドリンプロモーター、P10プロモーターなどが挙げられる。

【0062】

動物細胞で本発明のDNAを発現させるための組換えベクターは、一般に遺伝子を制御するための機能配列、たとえば、複製起源、本発明のDNAの上流に位置すべきプロモーター、リボソーム結合部位、ポリアデニル化部位や転写終止配列を含有している。本発明のDNAを真核細胞内で発現させるのに用いることができるそのような機能配列はウイルスやウイルス性物質から得ることができる。例えば、SR α プロモーター、SV40プロモーター、LTRプロモーター、CMV(サイトメガロウイルス)プロモーター、HSV-TKプロモーターなどが

あげられる。これらのうち、CMVプロモーター、SR α プロモーターなどを用いるのが好ましい。また、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の上流位置に本来存在するプロモーターも、上述の宿主ベクター系で使用するのに適しているならば使用することができる。複製起源については、外来性の起源、たとえばアデノウイルス、ポリオーマ、SV40等のウイルス由来の複製起点を用いることができる。また、発現ベクターとして宿主染色体に組み込まれるような性質を有するベクターを用いる場合、宿主染色体の複製起源を利用することができる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpSV-dhfr (ATCC 37146)、pBPV-1 (9-1) (ATCC 37111)、pCDNA3.1 (INVITROGEN社)、pME18S-FL3等が挙げられる。

【0063】

本発明は、上記の組換えベクターを含む形質転換された細胞である。本発明の複製可能な組換えベクターで形質転換された微生物または細胞は、前述の通り、組換えベクターに与えられた少なくとも1種の表現型によって形質転換されずに残った親細胞から選別される。表現型は少なくとも1種のマーカー遺伝子を組換えベクターに挿入することによって与えることができる。また複製可能なベクターが本来有しているマーカー遺伝子を利用することができる。マーカー遺伝子の例としては、たとえば、ネオマイシン耐性などの薬剤耐性遺伝子やジヒドロ葉酸レダクターゼをコードする遺伝子などが挙げられる。

【0064】

上記(C)において用いる宿主としては、大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良いが、用いる発現ベクターに適したものを選択する必要がある。微生物の例としては、エシュリヒアコリ (Escherichia coli) の菌株、たとえばE. coli K12株294 (ATCC 31446)、E. coli X1776 (ATCC 31537)、E. coli C600、E. coli JM109、E. coli B株、あるいはバチラスサブチリス (Bacillus subtilis) の如きBacillus属の菌株、あるいはサルモネラチフィムリウム (Salmonella typhimurium) またはセラチアマー

ゼサンス (*Serratia marcesans*) 等の大腸菌以外の腸内菌、あるいはシュードモナス (*Pseudomonas*) 属の種々の菌株が挙げられる。酵母としては、たとえば、サッカロミセス セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、シゾサッカロマイセス ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*)、ピキア パストリス (*Pichia pastoris*) などが用いられる。真菌としては、たとえば、アスペルギルス ニドランス (*Aspergillus nidulans*)、アクレモニウム クリソゲナム (*Acremonium chrysogenum*) (ATCC 11550) 等が挙げられる。

【0065】

昆虫細胞としては、たとえば、ウイルスがAcNPVの場合は、夜盗蛾の幼虫由来株化細胞 (*Spodoptera frugiperda*: Sf細胞)、*Trichoplusia ni* の卵由来の High Five TM 細胞、などが用いられる。動物細胞の例としては、HEK293細胞、COS-1細胞、COS-7細胞、HeLa細胞、チャイニーズハムスター (CHO) 細胞等が挙げられる。これらの中でも、CHO細胞およびHEK293細胞が好ましい。

細胞を宿主とする場合、用いられる発現ベクターと宿主細胞の組合せは実験の目的により異なるが、その組合せにより、一過的発現、構成的発現の2種類の発現方式が考えられる。

【0066】

上記 (C) における微生物及び細胞の形質転換とは、DNAを強制的方法や、細胞の貪食能により微生物や細胞に取り込ませ、プラスミド状態あるいは染色体に組み込まれた状態でDNAの形質を一過的あるいは構成的に発現させることである。当業者であれば公知の方法によって形質転換できる (たとえば実験医学別冊遺伝子工学ハンドブック)。たとえば動物細胞の場合、DEAE-デキストララン法、リン酸カルシウム法、エレクトロポレーション法 (電気穿孔法)、リポフェクション法などの方法でDNAを細胞に導入することができる。動物細胞を用いて、本発明のタンパク質を安定に発現させる方法としては、上記の動物細胞に導入された発現ベクターが染色体に組み込まれた細胞をクローン選択によって選

択する方法がある。具体的には、上記の選択マーカーを指標にして形質転換体を選択する。さらに、このように選択マーカーを用いて得られた動物細胞に対して、繰り返しクローン選択を行なうことにより本発明のタンパク質の高発現能を有する安定な動物細胞株を得ることができる。また、Dihydrofolate reductase (DHFR) 遺伝子を選択マーカーとして用いた場合Methotrexate (MTX) 濃度を徐々に上げて培養し、耐性株を選択することにより、DHFR遺伝子とともに、本発明のタンパク質をコードするDNAを細胞内で増幅させて、さらに高発現の動物細胞株を得ることもできる。

【0067】

上記の形質転換された細胞を本発明のタンパク質をコードするDNAが発現可能な条件下で培養し、本発明のタンパク質を生成、蓄積せしめることによって、本発明のタンパク質を製造することができる。すなわち、本発明は、上記（3）～（6）に記載の単離されたポリヌクレオチドを含む形質転換された細胞を、該ポリヌクレオチドによりコードされているタンパク質を発現させる条件下培養し、次いで培地から該タンパク質を回収することを含む該タンパク質の製造方法である。

【0068】

上記の形質転換された細胞の培養は、当業者に公知の方法で行なうことができる（たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社）。たとえば動物細胞の場合、各種の動物細胞培養法、たとえば、シャーレ培養、マルチトレー式培養、モジュール培養などの付着培養、または細胞培養用担体（マイクロキャリアー）に付着させるか生産細胞自体を浮遊化させ浮遊培養等の公知の方法により培養を行なえば良い。培地は通常良く用いられる動物細胞用の培地、たとえばD-MEMやRPMI 1640等を用いれば良い。

【0069】

上記培養物から本発明のタンパク質を分離精製するには、自体公知の分離・精製法を適切に組み合わせて行なうことができる。これらの公知の分離、精製法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、お

および SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィーなどの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などが用いられる。たとえば、本発明のタンパク質は、硫安またはエタノール沈殿、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィー、ホスフォセルロースクロマトグラフィー、疎水性相互作用クロマトグラフィー、アフィニティクロマトグラフィー、ヒドロキシアバタイトクロマトグラフィーおよびレクチンクロマトグラフィーを含む既知の方法により組換え細胞培養物から回収し、精製することができる。最も好ましくは、高性能液体クロマトグラフィーが精製に使用される。ポリペプチドが細胞内合成、単離または精製の間に変性するときには、活性なコンフォーメーションを再生するためにタンパク質をリフォールディングするためのよく知られた技術を使用できる。

【0070】

本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として製造することができる。これらも、本発明に含まれる。この融合タンパク質を発現する際に用いられるベクターとしては、該タンパク質をコードするDNAを組み込むことができ、かつ該融合タンパク質を発現することができるベクターであれば、いかなるベクターでも用いることができる。本発明のペプチドに融合できるタンパク質としては、たとえばグルタチオン-S-トランスフェラーゼ(GST)、ヒスチジン残基の6個の連続配列(6×His)等が挙げられる。本発明のタンパク質を他の蛋白質と融合した蛋白質として発現させた場合には、融合した蛋白質に親和性をもつ物質を用いたアフィニティーコロマトグラフィーを用いて精製することができ、有利である。例えば、GSTとの融合蛋白質として生産した場合は、グルタチオンをリガンドとするアフィニティーコロマトグラフィーにより精製することができる。

【0071】

本発明は、上記(7)のタンパクの活性を阻害するタンパクを含む。たとえば、抗体や上記(7)のタンパクの活性中心等に結合し、活性の発現を妨げる他の

タンパクが挙げられる。

本発明は、前記の本発明のタンパク質あるいはその部分ペプチドに特異的に結合する抗体ならびにそのような抗体の製造方法に関する。抗体は、本発明のタンパク質を認識し得る抗体であれば、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、ならびにこれらの抗体のフラグメント、一本鎖抗体、ヒト化抗体の何れであってもよい。抗体フラグメントは、公知の技術によって作製することができる。たとえば、該抗体フラグメントには、限定されるものではないが、 $F(ab')_2$ フラグメント、 Fab' フラグメント、 Fab フラグメント及び Fv フラグメントが含まれる。たとえば、モノクローナル抗体またはポリクローナル抗体は、上記(1) または(2) に記載のタンパク質を抗原またはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することにより得られる。本発明のタンパク質に対する抗体は、本発明のタンパク質あるいはそのペプチドを抗原として用い、自体公知の抗体または抗血清の製造法に従って製造することができる。たとえば実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック 改訂第3版に記載の方法が挙げられる。

【0072】

ポリクローナル抗体の場合であれば、たとえば、本発明のタンパク質をウサギなどの動物に本発明のタンパク質あるいはペプチドを注射することにより該タンパク質あるいはペプチドに対する抗体を産生させ、次いで血液を採取し、これを、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【0073】

モノクローナル抗体の場合は、たとえば、本発明のタンパク質をマウスなどの動物に免疫し、同マウスから脾臓を抽出し、これをすりつぶして細胞にし、マウスマイエローマ細胞とポリエチレングリコールなどの試薬により融合させ、これによりできた融合細胞(ハイブリドーマ)の中から、本発明のタンパク質に対する抗体を産生するクローンを選択する。次いで、得られたハイブリドーマをマウス腹腔内に移植し、同マウス内より腹水を回収し、得られたモノクローナル抗体を、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を

固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【0074】

得られた抗体をヒトに投与する目的で使用する場合は、免疫原性を低下させるために、ヒト型化抗体あるいはヒト抗体を用いることが好ましい。ヒト型化抗体は、トランスジェニックマウスまたは他の哺乳動物を用いて作製することができる。ヒト型化抗体の一般的概説は、たとえば、Morrison, S. L. et al. [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 6851-6855 (1984)]、Jones, P. T. et al [Nature 321: 522-525 (1986)]、野口浩 [医学のあゆみ 167: 457-462 (1993)]、松本隆志 [化学と生物 36: 448-456 (1998)] によって供されている。ヒト化キメラ抗体は、マウス抗体のV領域とヒト抗体のC領域を遺伝子組換えにより結合し、作製することができる。ヒト化抗体は、マウスのモノクローナル抗体から相補性決定部位 (CDR) 以外の領域をヒト抗体由来の配列に置換することによって作製できる。また、免疫系をヒトのものに入れ換えたマウス用いて、該マウスを免疫して、通常のモノクローナル抗体と同様に直接ヒト抗体を作製することもできる。これらの抗体は、タンパク質を発現するクローンを単離したり同定するのに使用できる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質を細胞抽出液、または本発明のタンパク質を産生する形質転換細胞から精製するのに使用できる。更にこれらの抗体は、細胞や組織中の本発明のタンパク質を検出するELISAやRIA (ラジオイムノアッセイ)、またはウエスタンプロット系の構築に使用できる。このような検出系は、動物、好ましくは、ヒトの組織または血管内流体などの身体サンプル中に存在する本発明のタンパク質の存在量を検出する診断目的に使用することができる。たとえば、これらの抗体は、炎症、自己免疫疾患、感染症 (一例としてHIV感染)、癌などの、本発明のタンパク質の(発現)異常に起因するHF-κBの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の診断に使用できる。疾患の診断の基礎を提供するために、本発明のタンパク質の発現についての通常の値、すなわち標準値が確立されなければならないが、これは当業者においては周知の技術である。す

なわち、複合体形成のための適切な条件下で、ヒトあるいは動物のどちらでもよいが、正常の被験者から得られた体液あるいは細胞抽出物と、本発明のタンパク質に対する抗体とを結合させ、この抗体-タンパク複合体の量を化学的または物理的手段により検出し、これを既知量の抗原（本発明のタンパク質）を含む標準液を用いて作成した標準曲線を用いて、正常サンプルから得られた標準値を算出する。標準値と本発明のタンパク質が関係する疾患を潜在的に患う被験者からのサンプルから得られた値と比較し、標準値との偏差によって疾病の存在を確認することができる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質の機能を研究する試薬としても用いることができる。

【0075】

本発明の抗体は精製され得、次いで、たとえば、炎症、自己免疫疾患、感染症（一例としてHIV感染）、癌などの、本発明のタンパク質の（発現）異常に起因するNF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の患者に投与され得る。すなわち本発明は、上記に記載の抗体を有効成分として含有する医薬、および抗体を用いた治療方法である。これらの医薬は治療的使用のためにさらなる有効成分または不活性成分（たとえば、従来の薬学的に受容可能なキャリアまたは希釈剤（たとえば、免疫原性アジュvant）と、生理学的に無毒の安定化剤および賦形剤とともに組み合わされ得る。これらの組み合わせは、濾過滅菌され、そして凍結乾燥により投薬バイアル中に、または安定化水性調製物中の貯蔵物として投薬形態にされ得る。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射などの当業者に公知の方法により行い得る。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。これらの抗体は、本発明のタンパク質で仲介されるNF- κ Bの活性化を阻害し、治療効果を示す。

【0076】

本発明のDNAは、細胞内シグナリングプロセスに関与する他のタンパク質を単離、同定、クローン化することにも使用できる。たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNA配列は、コードされたタンパク質を「バイト（bait）」として用いて、cDNAまたはゲノムDNAライブラリーから、本発明のタン

パク質に結合できるタンパク質をコードする他の配列「プレイ（p r e y）」を単離し、クローン化する酵母ツーハイブリッドシステム（たとえばN a t u r e 、340：245－246（1989））に用いることができる。同様の方式で、本発明のタンパク質が、他の細胞タンパク質（たとえばN I K, T R A F 2）に結合できるかどうかを決定することができる。あるいは別の方法として、本発明のタンパク質の抗体を用いた免疫沈降法（たとえば、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック）によって、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を細胞抽出物から単離する方法が挙げられる。さらに別の方法として、上記に記載のように、本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として発現させ、融合タンパク質に対する抗体を用いて免疫沈降法を行ない、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を単離する方法が挙げられる。

【0077】

診断アッセイは、上記した方法により、N F - κ B 遺伝子中の変異を検出することにより疾患の診断や該疾患への感受性を決定するための方法を提供する。さらに、このような疾患は、個体に由来するサンプル中のタンパク質またはm R N A レベルの異常な減少または増加を測定することを含む方法によって診断してもよい。発現の減少または増加は、当該技術でR N A レベルでのポリヌクレオチドの定量によく知られた方法、たとえば、P C R, R T - P C R, R N a s e 保護、ノーザンプロット法およびその他のハイブリダイゼーション法などの核酸増幅を使用して測定できる。宿主に由来するサンプル中のタンパク質レベルの測定に使用され得るアッセイ技術は、当業者によく知られている。そのような方法には、ラジオイムノアッセイ、競合的結合測定法、ウェスタンプロット分析およびE L I S A アッセイが含まれる。本発明のD N A は、本発明のタンパク質またはそのペプチドフラグメントをコードするD N A またはm R N A における異常を検出するのに使用できる。本発明は、個体における上記（1）または（2）に記載のタンパク質の発現に関連した疾患または疾患への感受性を診断する方法に関する。該方法は、タンパク質をコードするポリヌクレオチド配列における変異を、測定することを含む。

【0078】

本発明のDNAは、本発明のDNAを用いることによって、本発明のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするDNAまたはmRNAの異常を検出することができるので、たとえば、該DNAまたはmRNAの損傷、突然変異あるいは発現低下や、増加あるいは発現過多などの遺伝子診断に有用である。すなわち本発明は、個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾患への感受性の診断方法であって、(a) 個体のゲノムにおける請求項1または2に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；

および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上あるいは1／2以下の場合に病気であると診断する方法に関する。

【0079】

上記(a)により、NF- κ Bタンパク質をコードするヌクレオチド配列に変異がある場合は、該変異がNF- κ Bの発現または活性に関連した疾患を引き起こす可能性がある。あるいは、(b)により、被験者における前記(12)のタンパク発現量を測定し正常値を異なる値を示す場合は、NF- κ Bを活性化する本発明の新規タンパク質の発現量異常がNF- κ Bの発現または活性に関連した疾患の原因である可能性がある。ここで、(a)のNF- κ Bタンパク質をコードするヌクレオチド配列の変異の有無を測定する方法としては、NF- κ B遺伝子のヌクレオチド配列の一部をプライマーとして、RT-PCRを行い、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し、変異の有無を検出できる。あるいは、PCR-SSCP法(Genomics, 5:874-879, 1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック)によっても変異の有無を調べることができる。

【0080】

また、(b)のタンパク発現量を調べる方法としては、たとえば、前記(16)に記載の抗体を利用する方法が挙げられる。ヌクレオチド配列を決定する方法としては、たとえば、上記(3)～(6)に記載の遺伝子のヌクレオチド配列の

一部をプライマーとしてRT-PCRを行ない、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し変異の有無を検出できる。あるいはPCR-SSCP法(Genomics, 5:874-879, 1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック)によっても変異の有無を調べることができる。

また、本発明は、本発明のタンパク質のNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニング方法に関する。

【0081】

このスクリーニング方法は、

- (a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供し得る成分を細胞に提供する工程、
 - (b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、
 - (c) 該形質転換された細胞と1あるいは複数個の被検化合物とを接触させる工程、
 - (d) 検出可能なシグナルを検出する工程および、
 - (e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。
- を含む。

【0082】

検出可能なシグナルを提供し得る成分としては、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。レポーター遺伝子は、テストを行なう転写因子の活性化を直接検出するかわりに用いられるもので、調べたい遺伝子のプロモーターをレポーター遺伝子につなぎ、レポーター遺伝子の産物の活性を測定することによってプロモーターの転写活性の解析を行なうものである(バイオマニュアルシリーズ4、羊土社(1994))。

【0083】

レポーター遺伝子としては、その発現産物の活性または生産量(mRNAの生産量も含まれる)を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タン

パク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等の酵素活性を測定することで利用できる。NF- κ Bの活性化を評価するのに用いるレポータープラスミドとしては、NF- κ B認識配列をレポーター遺伝子の上流に組み込んだものであればよく、たとえばpNF- κ B-Luc (STRATAGENE社) が利用できる。あるいは、Tanaka S. et al. J. Vet. Med. Sci. Vol. 59 (7), Rothe M. et al. Science Vol. 269 p1424-1427 (1995) に記載のNF- κ B依存レポータープラスミドが例示される。

【0084】

宿主細胞としては、NF- κ Bの活性化を検出し得る細胞であればよく、好ましくは、哺乳動物細胞であり、たとえば293EBNA細胞が好適に用いられる。形質転換及び培養に関しては、上記に記載の通りである。

NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニングは、具体的には、たとえば、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することにより、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングすることができる。レポーター活性の測定は、当業者に公知の方法（たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））で行なうことができる。スクリーニングの被検物質には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられる。被検化合物は、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。また単一物質でも、混合物でもいい。検出可能なシグナルとしては、上記レポーター遺伝子の他に、NF- κ Bの活性化によって発現が誘導されることが知られている、たとえばIL-1やTNF- α の遺伝子のmRNA量あるいはタンパク量を測定しても良い。

【0085】

また、以下の(a)～(f)の工程により医薬組成物を製造することも可能である。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およ

び検出可能なシグナルを与えることができる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【0086】

mRNA量の測定は、たとえばノーザンハイブリダイゼーションやRT-PCR法などが挙げられる。タンパク量の測定はたとえば抗体を用いる方法が挙げられる。抗体は公知の方法によって作製しても良いし、市販のもの（たとえば和光純薬工業株式会社）を使用することもできる。

【0087】

本願発明のタンパク質は、以下の工程により、該タンパク質のアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤を、構造を基礎にして設計する方法に使用してもよい。

(a) まず、タンパク質の三次元構造を決定する工程、

(b) アゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤の反応性部位または結合部位と思われる部位の三次元構造を推論する工程、

(c) 推論した結合部位または反応性部位に結合するかあるいは結合すると予測される候補化合物を合成する工程、および

(d) 該候補化合物が本当にアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤であるか否かを試験する工程。

【0088】

また本発明は、上記スクリーニングによって得られた化合物を含む。しかしながら、本発明のスクリーニング方法は、上記の方法に限定されるものではない。

さらに、上記（14）に記載の方法により医薬組成物を製造する方法も含む。

該候補化合物には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられ、また、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。上記スクリーニングによって得られた化合物は、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する作用を有しているので、NF- κ Bの望ましくない活性化に起因する疾患を治療または予防するための医薬として有用である。混合物から目的化合物を単離、精製するには、自体公知の方法、例えば濾過、抽出、洗浄、乾燥、濃縮、結晶化、各種クロマトグラフィー等を適宜組み合わせて行なうことができる。化合物の塩を取得したい時は、化合物が塩の形で得られる場合にはそのまま精製すれば良く、また遊離の形で得られる場合には、通常の方法により適當な溶媒に溶解または懸濁し、所望の酸または塩基を添加し、塩を形成させて単離精製すれば良い。本発明の方法を用いて得られる化合物またはその塩を医薬組成物とする場合、常法により製剤化することができる。すなわち活性成分として有効な量の上記化合物またはその薬理的に許容される塩と、薬理的に許容される担体とを混合すれば良い。製剤化は選訳された投与様式に適した形態が選ばれる。経口投与に適した組成物としては、錠剤、顆粒剤、カプセル剤、丸剤、および散剤などの固体形態、溶液剤、シロップ剤、エリキシル剤、および懸濁液剤などの液体形態が挙げられる。非経口投与に有用な形態としては、無菌溶液剤、乳剤、および懸濁液剤が挙げられる。上記の担体としては、例えばゼラチン、乳糖、グルコース等の糖類、コーン・小麦・米・とうもろこし澱粉等の澱粉類、ステアリン酸等の脂肪酸、ステアリン酸カルシウム・ステアリン酸マグネシウム等の脂肪酸塩、タルク、植物油、ステアリンアルコール・ベンジルアルコール等のアルコール、ガム、ポリアルキレンジリコール等が挙げられる。これらのうち液状担体の例としては、一般に水、生理食塩水、デキストロースまたは類似の糖溶液、エチレングリコール、プロピレングリコール、ポリエチレンジリコール等のグリコール類が挙げられる。

【0089】

本発明は、NF- κ Bの活性化阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットである。該キットは、(a) NF- κ B

を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およびN F- κ Bの活性化後、検出可能なシグナルを提供する成分を含有する細胞、(b) 該検出可能なシグナルを測定するための試薬、から成り、N F- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするために必要な試薬類を含むキットを提供する。

【0090】

別の側面において、本発明は、

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150等の本発明のポリヌクレオチド；

(b) (a) のヌクレオチド配列に相補的なヌクレオチド配列；

(c) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149等の本発明のタンパク質またはそれらの断片；または

(d) (c) のタンパク質などの本発明のタンパク質に対する抗体；
を含む診断キットに関する。

【0091】

このようなキットにおいて、(a)、(b)、(c) または(d) は、実質的な成分を成してもよい。そのようなキットは、炎症、自己免疫疾患、感染性疾患

(たとえばHIV感染) および癌などの疾患または該疾患への感受性を診断するのに有用である。

【0092】

NF- κ Bは、炎症、自己免疫疾患、ガン及びウイルス感染などの多種の病理学的状態におけるその関与のため、薬物デザイン及び治療介在のための魅力的な標的である。多数の実験が、NF- κ B活性の阻害が深い生理学的作用を有し得ることを示している(たとえば、Ann. Rheum. Dis. 57, 738-741 (1998), American Journal of Pathology 152, 793-803 (1998), ARTHRITIS & RHEUMATISM 40, 226-236 (1997), Am. J. Respir. Crit. Care Med. 158, 1585-1592 (1998), J. Exp. Med. 188 1739-1750 (1998), Gut 42, 477-484 (1998), The Journal of Immunology 161, 4572-4582 (1998), Nature Medicine 3, 894-899 (1997))。本明細書中に報告するNF- κ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質の発見により、異常なNF- κ B機能を阻害する新しい方法が提供された。さらなる具体例において、本発明は、NF- κ Bの活性化を阻害するための前記のNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質の機能を阻害する化合物を用いる方法に関する。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症(1例としてHIV感染症)、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。更に、NF- κ Bの活性化が細胞のアポトーシスを阻害することが、最近明らかになりつつある。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、アポトーシスを促進する機能を持つ可能性も考えられる。アポトーシスの誘導が治療につながる疾患としては、腫瘍が挙げられる。

【0093】

逆に、アポトーシスの抑制が治療につながる疾患としてはGVHD、Toxic epidermal necrolysis(TEN)などの皮膚疾患、増殖性腎炎(IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎)、劇症肝炎などが挙げられる。よって、上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を作動する化合物はこれらの疾患の治療または予防のための医薬として有用であ

る。

【0094】

更に、本発明のタンパク質をコードする遺伝子は、癌、自己免疫疾患、アレルギー性疾患、および炎症性応答を始めとする様々な疾患の治療を目的とした遺伝子治療にも有用である。遺伝子治療とは、疾病の治療を目的として、遺伝子または遺伝子を導入した細胞をヒトの体内に投与することを意味する。本発明のタンパク質や該タンパク質をコードする蛋白質やDNAは、診断目的にも使用できる。

【0095】

本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩を上述の医薬組成物として使用する場合、常套手段に従って実施することができる。たとえば、錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤、無菌性溶液、懸濁液剤などとすることができます。このようにして得られる製剤は安全で低毒性があるので、たとえば、ヒトや哺乳動物（たとえば、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。すなわち本発明は、上記化合物を有効成分として含有する医薬に関する。

【0096】

さらに、上記化合物は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、感染症、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。すなわち本発明は、上記化合物を含む炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬に関する。具体的には、例えば、慢性関節リウマチ、変形性関節症、全身性エリテマトーデス、糖尿病、敗血症、喘息、アレルギー性鼻炎、虚血性心疾患、炎症性腸疾患、くも膜下出血、ウイルス肝炎、エイズ、などに対する治療及び予防薬として有用である。

【0097】

さらにまた、本発明は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬の製造における上記（14）記載の方法により製造された医薬組成物の使用も含む。また本発明は、上記（3）～（6）に記載の遺伝子に対するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。アンチセンスオリゴヌクレオチドは、標的とした遺伝子配列に対して相補的な配列を持つオリゴヌクレオチドを用いて、タンパク質への翻訳、細胞質への輸送、あるいは全体的な生物活性機能に必要な他の活性等のRNAの機能を阻害することによって、標的遺伝子の発現を抑制することができる。この際、アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、RNAを用いても良いし、DNAを用いても良い。本発明のDNA配列は、本発明のタンパク質をコードする遺伝子から転写されたmRNAとハイブリダイズし得るアンチセンスオリゴヌクレオチドを作製するために使用できる。一般にアンチセンスオリゴヌクレオチドが、その遺伝子の発現に対して抑制的に作用することは公知での事実である（たとえば、細胞工学 Vol. 13 No. 4 (1994)）。本発明のタンパク質をコードする遺伝子に対するアンチセンスコード配列を有するオリゴヌクレオチドは、標準の方法で細胞内に導入することができ、該オリゴヌクレオチドは、本発明のタンパク質をコードする遺伝子のmRNAの翻訳を効果的に遮断して、その発現を遮断して、望ましくない作用が阻害される。

【0098】

本発明のオリゴヌクレオチドは、天然に見出されるオリゴヌクレオチドの他に、修飾されたものであっても良い〔たとえば、村上&牧野：細胞工学 Vol. 13 No. 4 p 259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol. 1. 40 No. 10 p 1364-1370 (1995)、竹内恒成ら：実験医学 Vol. 1. 14 No. 4 p 85-95 (1996)〕。従って、オリゴヌクレオチドは変化した糖部分あるいは糖間部分を有していても良い。これらの例は、当該技術分野において使用が知られているホスホチオエート及び他のイオウ含有種である。幾つかの好ましい態様に従えば、オリゴヌクレオチドの少なくとも一つのホスホジエステル結合が、その活性が調節されるべきRNAが位置する細胞の領域に浸透する組成物の能力を高める機能を有する構造により置換され

る。

【0099】

このような置換は、ホスホチオエート結合、ホスホアミデート結合、メチルホスホネート結合または短鎖アルキルもしくはシクロアルキル構造を含むことが好ましい。オリゴヌクレオチドはまた、少なくとも幾つかの修飾されたヌクレオチド型を含んでいても良い。従って、天然に通常見いだされるもの以外のプリン及びピリミジンを使用していても良い。同様に本発明の本質的な意図が実行される限り、ヌクレオチドサブユニットのフラノシリル部分を修飾することもできる。このような修飾の例は、2' -O-アルキル-、及び2' -ハロゲン置換ヌクレオチドである。本発明において有用な幾つかの糖部分の2' 位の修飾の例は、OH、SH、SCH₃、OCH₃、OCN、またはO(CH₂)_nCH₃（ここでnは1から約10である）、及び同様の特性を有する他の置換基である。全てのこのような類似体は、本発明の遺伝子のmRNAとハイブリダイズしてそのRNAの機能を阻害する機能を果たす限り、本発明に包含される。

【0100】

本発明のオリゴヌクレオチドは、約3から約50ヌクレオチドを含み、約8から約25ヌクレオチドを含むことが好ましく、約12から約20ヌクレオチドを含むことがさらに好ましい。本発明のオリゴヌクレオチドは、周知の方法である固相合成法により作製することができる。このような合成のための装置は、Applied Biosystemsを含む幾つかの業者により販売されている。ホスホチオエート等の他のオリゴヌクレオチドの製造も当業者に公知の方法で作製できる。

【0101】

本発明のオリゴヌクレオチドは、本発明の遺伝子から転写されるmRNAとハイブリダイズできるように設計される。与えられた遺伝子の配列に基づいてアンチセンスオリゴヌクレオチドを設計する方法は、当業者であれば容易である〔たとえば、村上および牧野：細胞工学 Vol.13 No.4 p259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol.40 No.10 p1364-1370 (1995)、竹内恒成ら：実験医学 Vol.14 No.4

【0102】

p 85-95 (1996)]。最近の研究は、mRNAの5'領域、好ましくは翻訳開始部位を含む領域に設計されたアンチセンスオリゴヌクレオチドが、遺伝子の発現の阻害に最も効果的であることを示唆している。アンチセンスオリゴヌクレオチドの長さは、15から30ヌクレオチドが好ましく、20から25ヌクレオチドがより好ましい。ホモロジー検索で他のmRNAとの相互作用がないこと、オリゴヌクレオチド配列内で二次構造を取らないことを確認しておくことは重要である。設計したアンチセンス分子が機能したかどうかの評価は、適当な細胞を用いて、該細胞にアンチセンスオリゴヌクレオチドを導入し、当業者には公知の方法で、対象mRNAの量（たとえば、ノーザンプロットまたはRT-PCR法）、あるいは対象タンパク質の量（たとえば、ウエスタンプロットまたは蛍光抗体法）を測定することにより、発現抑制の効果を確認できる。

【0103】

一方、三重らせん形成（トリプル・ヘリックス技術）は、核内のDNAを標的とした、主に転写の段階での遺伝子発現制御方法である。オリゴヌクレオチドは、主に転写に関与する遺伝子領域に設計され、それにより、転写及び本発明のタンパク質の産生を抑える。これらのRNA、DNA、オリゴヌクレオチドは、公知の合成装置などを用いて製造することができる。

【0104】

本発明のオリゴヌクレオチドは、標的核酸配列を含む細胞に、たとえばリン酸カルシウム法、リポフェクション法、エレクトロポレーション法、マイクロインジェクション法などのDNAトランスフェクション法、またはウイルスなどの遺伝子導入ベクターの使用を含む遺伝子導入法のいずれを用いて導入してもよい。適切なレトロウイルスベクターを用いてアンチセンスオリゴヌクレオチド発現ベクターを作製し、その後、該発現ベクターを細胞とin vivoまたはex vivoで接触させることにより、標的核酸配列を含む細胞に導入できる。

【0105】

本発明のDNAは、アンチセンスRNA/DNA技術またはトリプル・ヘリックス技術を用いて、本発明のタンパクを介するNF- κ Bの活性化を阻害するの

に使用できる。

【0106】

本発明のタンパク質をコードする遺伝子のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症（たとえば、HIV感染症）、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患を治療または予防する医薬として有用である。すなわち、本発明は、上記アンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、ノーザンハイブリダイゼーション法またはPCR法を用いてそれらの疾病的検出に利用することもできる。

【0107】

本発明は、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイムである。リボザイムは、核酸のヌクレオチド配列を認識して、核酸を切断する活性を持つRNAである（たとえば、柳川弘志 実験医学バイオサイエンス12、RNAのニューエイジ）。リボザイムは、選択された標的RNA、たとえば本発明のタンパク質をコードするmRNAを開裂するように製造することができる。本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列を基に、本発明のタンパク質のmRNAを特異的に切断するリボザイムを設計することができ、かようなリボザイムは本発明のタンパク質のmRNAに対して相補的な配列を有し、該mRNAと相補的結合し、ついで該mRNAが開裂され本発明のタンパク質の発現が減少し（または完全に発現せず）、発現減少のレベルは標的細胞内のリボザイム発現のレベルに依存している。

【0108】

よく用いられるリボザイムには、ハンマーヘッド型とヘアピン型の2種類があり、特にハンマーヘッド型リボザイムは切断活性に必要な一次構造や二次構造がよく調べられており、当業者であれば、本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列情報のみで容易にリボザイムの設計が可能である〔たとえば、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3, p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕。ハンマーヘッドリボザイムは、標的RNAと相補鎖を形成する2ヶ所の認識部位（認識部位Iと認識部位II）と活性部位からなる

構造をなし、標的RNAと認識部位で相補対を形成した後、標的RNAのNUXの配列（N：AまたはGまたはCまたはU、X：AまたはCまたはU）の3'末端側で切断することが知られており、特にGUC（あるいはGUA）が一番高い活性を持つことが知られている〔たとえばKoizumi,Mら:Nucl. Acids Res.17,705 9-7071(1989)、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3,p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)、川崎&多比良：実験医学 Vol.18 No.3 p381-386 (2000)〕。

【0109】

そこでまず、本発明のDNA配列の中からGTC（またはGTA）の配列を探し出し、その前後で数ヌクレオチドから十数ヌクレオチドの相補対をつくることができるようリボザイムを設計する。設計したリボザイムの適切性の評価は、たとえば、大川&平比良の文献〔実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕に記載の方法によって、作製したリボザイムが、イン ピトロで標的mRNAを切断できるかどうかを調べることで評価できる。リボザイムの調製は、RNA分子を合成するための当分野で周知の方法により調製する。

【0110】

別法としては、リボザイムの配列をDNA合成機で合成し、たとえばT7或いはSP6のような適切なRNAポリメラーゼプロモータを有する多種のベクターに組み込み、イン ピトロで酵素的にRNAを合成させる方法が挙げられる。これらのリボザイムは、たとえばマイクロインジェクション法などの遺伝子導入方法によって細胞内に導入できる。あるいは別の方法として、リボザイムDNAを適当な発現ベクターに組み込んで、株細胞、細胞或いは組織内に導入する。選択された細胞中にリボザイムを導入するのに、適切なベクターを使用することができ、たとえばプラスミドベクター、動物ウイルス（たとえばレトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスあるいはワクシニアウイルス）ベクターがこれらの目的に通常用いられるこれらのリボザイムは、本発明のタンパク質で仲介されるNF- κ Bの活性化を阻害する作用を有する。

【0111】

本発明は、機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法

を用いて完全長cDNAライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナル因子を用いる方法からなる取得方法に関する。シグナル因子には、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。

【0112】

機能を有する遺伝子（cDNA）を多数取得するためには、不完全長のものが多いためcDNAライブラリーを用いると効率が悪い。したがって、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーが必要となる。完全長cDNAは遺伝子から出来るmRNAの完全なコピーのことである。オリゴキヤッピング法で作製したcDNAライブラリーは、完全長cDNAの割合が50～80%であり、従来の方法で作製されたcDNAライブラリーと比べて、5～10倍の完全長cDNAクローンの濃縮になっている（菅野純夫：月刊 BIO INDUSTRY Vol.16 No.11 p19-26）。完全長cDNAは、遺伝子の機能解析においては、タンパク質発現のために必須なクローンであり、完全長cDNAのクローンそのものが活性測定のための材料として極めて重要なものであるため、遺伝子の機能解析を試みるに際して、完全長cDNAのクローニングは必須の要件である。さらにその配列を決定することで、それがコードするタンパク質の一次配列を確定するための重要な情報となると同時に、遺伝子の全エクソンの配列も分かる。すなわち、完全長cDNAは、遺伝子を同定する上で貴重な情報、たとえばタンパク質の一次配列、エクソン-イントロン構造、mRNAの転写開始点、プロモーターの位置などを決めるための情報をも与える。

【0113】

オリゴキヤッピング法による完全長cDNAライブラリー作製は、たとえば実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック改訂第3版（1999年）に記載の方法に従い行うことができる。機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子は、転写因子等のタンパク質因子が結合できる適切な発現制御配列部分（1つまたは複数）と、その転写因子等による活性化を測定できる構造遺伝子部分からなる。構造遺伝子部分は、その発現産物の活性または生産量（mRNAの生産量も含まれる）を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールア

セチルトランスフェラーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等を用いることができ、その酵素活性を測定することで利用できる。

【0114】

本発明において、オリゴキャッピング法とは、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版に記載のように、BAP, TAP, RNAリガーゼにより、キャップ構造を合成オリゴに置換する方法である。

本発明の方法は、イン ビトロ (in vitro) の系、あるいは細胞を用いて (cell-based) の系のどちらの方法でも良く、好ましくは細胞を用いた系である。細胞は、原核大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良く、好ましくは動物細胞であり、293EBNA細胞、NIH3T3細胞が例示できる。

【0115】

機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子としては、本願明細書に示したNF- κ Bのレポーター遺伝子の他に、たとえばCREB (cAMP responsive element binding protein) 結合配列あるいはAP-1 (activator protein-1) 結合配列をレポーター遺伝子の発現制御配列部分に有するレポーター遺伝子が挙げられる。たとえば、CREBを活性化する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が上昇したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。また、CREBを抑制する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が減少したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。この場合、細胞に何らかの刺激を加えた状態で行なっても良い。cDNAクローンの細胞への導入は、1クローンでも良いし、複数のクローンを同時に導入しても良い。本発明の該方法の一例は、本願明細書実施例に詳細に記述してある。あるいは、完全長cDNAとレポーター遺伝子を細胞に導入した後、細胞をIL-1あるいはTNF- α などで刺激し、レポーター活性の上昇の弱いクローンを選ぶことによって、NF- κ Bの活性化

を抑制する機能を有する遺伝子を取得するためのスクリーニング系を構築することもできる。

【0116】

しかしながら、本発明の該方法は、この方法に限定されるものではない。また、本発明のcDNAは、完全長cDNAであるため、その5'末端の配列がmRNAの転写開始点であり、該cDNA配列をゲノムのヌクレオチド配列と比較することにより、該遺伝子のプロモーター領域を同定することに利用できる。ゲノムのヌクレオチド配列は、データベースに公知の配列として登録されている場合はその配列を利用できる。あるいは、該cDNAを用いてたとえばハイブリダイゼーションによってゲノムライブラリーからクローニングし、ヌクレオチド配列を決めることもできる。このようにして、本発明のcDNAのヌクレオチド配列をゲノムの配列と比較することによって、その上流に存在する該遺伝子のプロモーター領域を同定することが可能である。さらに、このようにして同定した該遺伝子のプロモーター断片を用いて該遺伝子の発現を調べるレポータープラスミドを作製することができる。レポータープラスミドは、大方の場合、転写開始点からその上流2kb、好ましくは転写開始点からその上流1kbのDNA断片をレポーター遺伝子の上流に組み込むことによって作製できる。さらに該レポータープラスミドは、該遺伝子の発現を増強あるいは減弱させる化合物のスクリーニングに利用できる。具体的には例えば、該レポータープラスミドで適当な細胞を形質転換し、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することによりスクリーニングすることができる。これらも本発明に含まれる。

【0117】

また本発明は、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、1

12, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148または150で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体に関する。

【0118】

さらに本発明は、上記に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列のデータを比較して相同性の算出を行う方法に関する。すなわち、本発明の遺伝子およびアミノ酸配列は、その2次元および3次元構造を決定し、たとえば同様の機能を有する相同性の高いさらなる配列を同定するための貴重な情報源となる。これらの配列をコンピュータ読み込み可能媒体に保存し、ついで既知の高分子構造プログラムにおいて保存したデータを用いて、GCGのような既知検索ツールを用いてデータベースを検索すれば、データベース中の、ある相同性を有する配列を見出すことは容易である。

【0119】

コンピュータ読み取り可能媒体は情報またはデータを保存するのに用いる物体のいずれの組成物であってもよく、たとえば、市販フッロッピーディスク、テープ、チップ、ハードドライブ、コンパクトディスク、およびビデオディスク等がある。また、本媒体上のデータは、他のヌクレオチド配列のデータと比較して相同性の算出を行なう方法を可能にする。この方法には、本発明ポリヌクレオチド配列を含む第一のポリヌクレオチド配列をコンピュータ読み込み可能媒体中に提供し、次いで、該第一のポリヌクレオチド配列を少なくとも一つの第二のポリヌ

クレオチドまたはポリペプチド配列と比較して相同性を同定する工程を含む。

【0120】

本発明はまた、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148および150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質に関する。DNAプローブである複数の各種ポリヌクレオチドがスライドガラス等の特別に加工された基質上に固定され、次いで標識された標的ポリヌクレオチドを、固定化されたポリヌクレオチドとハイブリダイズさせ、それぞれのプローブからのシグナルを検出する。得られるデータは、解析され、遺伝子発現が測定される。

【0121】

本発明はさらにまた、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質に関する。診断あるいは新薬開発のために、チップ表面に固定化されたタンパク質は、捕獲されて、単離あるいは同定される。

【0122】

【実施例】

以下に、実施例を挙げて本発明を詳しく説明するが、本発明は、これらの例に何ら限定されるものではない。

(実施例1) オリゴキャッピング法を用いた完全長cDNAライブラリーの作製

(1) ヒト肺線維芽細胞(Cryo NHLF)からのRNA調整

ヒト肺線維芽細胞(Cryo NHLF:三光純薬株式会社より購入)を、添付のプロトコールに従って培養した。10cmシャーレ50枚まで継代培養した後、セルスクレーパーで細胞を回収した。次いで、回収した細胞からRNA抽出用試薬ISOGEN(ニッポンジーンより購入)を用いて全RNAを取得した。取得の具体的方法は、試薬のプロトコールに従った。次いで、オリゴ-dTセルロースカラムを用いて、全RNAからポリA⁺RNAを取得した。ポリA⁺RNA取得の具体的方法は、上記Maniatisの実験書に従った。

【0123】

(2) オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製

上記ポリA⁺RNAから、オリゴキャッピング法により完全長cDNAライブラリーを作製した。オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製の具体的方法は、菅野らの方法〔たとえば、Maruyama, K. & Sugano, S. Gene, 138: 171-174 (1994)、Suzuki, Y. et al. Gene, 200: 149-156 (1997)、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版〕に従って作製した。

【0124】

(3) プラスミドDNAの調整

上記実施例で作製した完全長cDNAライブラリーを、エレクトロポレーション法によって大腸菌TOP10株に形質転換した後、100μg/mlアンピシリンを含有するLB寒天培地に塗布し、37℃で一晩インキュベートした。続いて、アンピシリン含有LB寒天培地上で生育した大腸菌のコロニーから、QIAGEN社のQIAwells 96 Ultra Plasmid Kitを用いてプラスミドを回収した。具体的方法は、QIAwells 96 Ultra Plasmid Kitに添付のプロトコールに従った。

【0125】

(実施例2) NF- κ Bを活性化する作用を有するDNAのクローニング

(1) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするcDNAのスクリーニング

293-EBNA細胞(Invitrogen社より購入)を細胞培養用96穴プレートに 1×10^4 Cells/wellとなるように、5%FBS存在下のDMEM培地を用い、24時間37°Cで培養した(5%CO₂存在下)。次いで、FUGENE 6 (Roche社より購入)を用いて、pNF κ B-Luc (STRATAGENE社より購入) 50ngと、上記実施例1. (3)で調整した完全長cDNA 2 μ lを1ウエルに共導入した。導入の方法は添付のプロトコールに従った。24時間37°Cで培養後、ロングタームルシフェラーゼアッセイシステム、ピッカジーンLT 2.0 (東洋インキ社)を用いて添付されている説明書に従い、NF- κ Bのレポーター活性(ルシフェラーゼ活性)を測定した。なおルシフェラーゼ活性は、Perkin Elmer社のWallac ARVO_{TM} ST 1420 MULTILABEL COUNTERを用いて行った。

【0126】

(2) ヌクレオチド配列の決定

上記スクリーニングを115,000クローン行い、ルシフェラーゼ活性が対照実験(完全長cDNAの代わりに、空ベクターpME18S-FL3を導入した細胞のルシフェラーゼ活性)と比べて10倍以上上昇しているプラスミドを選抜し、まず、クローニングされているcDNAの5'側(シークエンスプライマー: 5' - CTTCTGCTCTAAAAAGCTGCG - 3' (配列番号151))と3'側(シークエンスプライマー: 5' - CGACCTGCAGCTCGAGCACA - 3' (配列番号152))からそれぞれone-passシークエンスを行ない、できる限り長く決定した。なお、ヌクレオチド配列決定のための試薬や方法は、Thermo Sequenase II Dye Terminator Cycle Sequencing Kit (アマシャム フアルマシア社)、あるいはBigDye Terminator Cycle Se

quencing FS Ready Reaction Kit (アプライドバイオシステムズ社) を用い、ABI PRISM 377シーケンサー、あるいは、ABI PRISM 3100シーケンサーを用い、各々キットに添付されている説明書に従って行なった。

【0127】

(3) 得られたクローンのデータベース解析

得られたヌクレオチド配列について、Genbankに対するBLAST (Basic local alignment search tool) [S. F. Altschul et al., J. Mol. Biol., 215: 403-410 (1990)] 検索を行なった。その結果、75クローンがNF- κ Bを活性化する作用を有する新規のタンパク質をコードする45種類の遺伝子であった。

【0128】

(4) 全長シーケンス

45種類の新規のクローンについて全長ヌクレオチド配列（配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150）を決定し、タンパク質をコードする部分（オープンリーディングフレーム）のアミノ酸配列（配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149）を予

想した。

【0129】

(実施例3) NF- κ Bの活性化を阻害する化合物のスクリーニング

293-EBNA細胞を細胞培養用96wellプレートに、 1×10^4 Ce
11s/ $100\mu l$ /wellの細胞数になるように、5%FBS存在下のDM
EM培地にまき、5%CO₂存在下、37°Cで24時間培養した。次いで、Fu
GENE6を用いて、上記実施例2で得た、配列番号81のNF- κ Bを活性化
する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子を含有するプラスミド1.0ng
と、レポータープラスミドpNF- κ B-Luc50ngを1wellに共導入し
た。1時間後、プロテアソーム阻害剤であることが知られているMG132 (C
ALBIOCHEMより購入) (Uehara T. et al. J. Biol.
Chem. 274 p15875-15882 (1999)、Wang X
C. et al. Invest. Ophthalmol. Vis. Sci. 40
p477-486) を終濃度 $10\mu M$ になるように培養液中に加えた。37°C
で24時間培養後、ピッカジーンLT2.0を用いてレポーター活性を測定した
。その結果、MG132はレポーター遺伝子の発現を抑制した(図1)。

【0130】

【発明の効果】

本発明により、産業上有用性の高いNF- κ Bを活性化する作用を有するタン
パク質やそれらの遺伝子が提供された。本発明のタンパク質やそれらの遺伝子に
より、NF- κ Bの過剰な活性化、又は阻害が関与する疾患の治療や予防に有用な
化合物のスクリーニング、さらにそのような疾患の診断薬を作製することが可能
である。更に本発明の遺伝子は、遺伝子治療に用いられる遺伝子ソースとしても
有用である。

【0131】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> ASAHI KASEI KABUSHIKI KAISHA

<120> Novel Gene

<130> X13-213

<160> 152

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 167

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val

1

5

10

15

Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr

20

25

30

Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser

35

40

45

Ala Gly Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln

50

55

60

Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly

65

70

75

80

Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly

85

90

95

Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr

100

105

110

Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro

115

120

125

Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser

130

135

140

Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly

145

150

155

160

Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg

165

<210> 2

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (194)..(694)

<400> 2

aaaaactgtg gtgagctgtg aaggctatga gtcctctgaa gaccagtatg tactaagagg 60

ttcttgcgttggc ttggagtata atttagatta tacagaacctt ggcctgcaga aactgaagga 120

gtctggaaag cagcacggct ttgcctctt ctctgattat tattataagt ggtcctcgcc 180

ggattcctgt aac atg agt gga ttg att acc atc gtg gta ctc ctt ggg 229

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly

1 5 10

atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc ctg agt gac ggg cag tat tct 277

Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser

15 20 25

cct cca ccg tac tct gag tat cct cca ttt tcc cac cgt tac cag aga 325

Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg

30 35 40

ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc cca ggc ttt aag tct gag ttc 373

Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe

45 50 55 60

aca gga cca cag aat act ggc cat ggt gca act tct ggt ttt ggc agt 421

Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser

65 70 75

gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa aat tca gga cca ggg ttc tgg 469

Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp

80

85

90

aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta gga tat ttg ttt ggc agc aat 517

Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn

95

100

105

aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg tgg tac tac ccg tcc tat cct 565

Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro

110

115

120

ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg gct tac tca ccc ctt cat gga 613

Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly

125

130

135

140

ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca aac tca gac acg aaa acc aga 661

Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg

145

150

155

act gca tca gga tat ggt ggt acc agg aga cga taaagttagaa agttggagtc 714

Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Thr Arg Arg Arg

160

165

aaacactgga tgcagaaaatt ttggatttt catcactttc tcttagaaaa aaaagtacta 774

cctgttaaca attggaaaaa ggggatattc aaaagttcgg tggtgttatg tccagtgttag 834

cttttgtat tctattattt gaggctaaaaa gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtttg 894

tatgtcagtg taacatgcag atgtatatgg cagttttga aagtgatcat tactgtggaa 954

tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg tcatgcccta agaaggcatta agaatgaagg 1014

tgttgtacta atagaaacta agtacagaaa atttcagtt taggtggttg tagctgatga 1074

gttattacct catagagact gtaatattct atttggattt atattatttg atgttgctg 1134

ttcttcaaac atttaaatca agctttggac taattatgct aatttgttag ttctgatcac 1194

ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag tggggagat ggccttctgg taactgaata 1254

ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa gcatctagaa gtttggatg aatgactctg 1314

tgctggcaaa aatgctgaa acctctata ttcttcgtt cataagaggt aaaggtcaaa 1374

ttttcaaca aaagtcttt aataacaaaa gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaataat 1434

tgttgtata gtctgtttca atcttaaaaa gaatcaat 1472

<210> 3

<211> 339

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Met Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu

1

5

10

15

Gly Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn

20 25 30

Asp Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His

35 40 45

Tyr Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu

50 55 60

Lys Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val

65 70 75 80

Ile Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu

85 90 95

Cys Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val

100 105 110

Ser Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly

115 120 125

Ser Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln

130 135 140

Lys Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp

145 150 155 160

Tyr Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu

165

170

175

Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu

180

185

190

Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro

195

200

205

Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro

210

215

220

Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His

225 230 235 240

Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr

245

250

255

Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile

260

265

270

Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp

275

280

285

Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn

290

295

300

Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys

305

310

315

320

特2001-088912

Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr

325

330

335

Arg Arg Arg

<210> 4

<211> 1924

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115)..(1131)

<400> 4

gttccttcgc cgccgccagg ggttagcggtg tagctgcgca gcgtcgcgcg cgctaccgca 60

cccaggttcg gcccgtggc gtctggcagc cggcgccat cttcatcgag cgcc atg 117

Met

1

gcc gca gcc tgc ggg ccg gga gcg gcc ggg tac tgc ttg ctc ctc ggc 165

Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu Gly

5

10

15

ttg cat ttg ttt ctg ctg acc gcg ggc cct gcc ctg ggc tgg aac gac 213

Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn Asp

20

25

30

cct gac aga atg ttg ctg cggt gat gta aaa gct ctt acc ctc cac tat 261

Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His Tyr

35

40

45

gac cgc tat acc acc tcc cgc agg ctg gat ccc atc cca cag ttg aaa 309

Asp Arg Tyr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu Lys

50

55

60

65

tgt gtt gga ggc aca gct ggt tgt gat tct tat acc cca aaa gtc ata 357

Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val Ile

70

75

80

cag tgt cag aac aaa ggc tgg gat ggg tat gat gta cag tgg gaa tgt 405

Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu Cys

85

90

95

aag acg gac tta gat att gca tac aaa ttt gga aaa act gtg gtg agc 453

Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val Ser

100

105

110

tgt gaa ggc tat gag tcc tct gaa gac cag tat gta cta aga ggt tct 501

Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly Ser

115

120

125

tgt ggc ttg gag tat aat tta gat tat aca gaa ctt ggc ctg cag aaa 549

Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln Lys

130

135

140

145

ctg aag gag tct gga aag cag cac ggc ttt gcc tct ttc tct gat tat 597

Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp Tyr

150

155

160

tat tat aag tgg tcc tcg gcg gat tcc tgt aac atg agt gga ttg att 645

Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu Ile

165

170

175

acc atc gtg gta ctc ctt ggg atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc 693

Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe

180

185

190

ctg agt gac ggg cag tat tct cct cca ccg tac tct gag tat cct cca 741

Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro

195

200

205

ttt tcc cac cgt tac cag aga ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc 789

Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro

210 215 220 225

cca ggc ttt aag tct gag ttc aca gga cca cag aat act ggc cat ggt 837

Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly

230

235

240

gca act tct ggt ttt ggc agt gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa 885

Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu

245

250

255

aat tca gga cca ggg ttc tgg aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta 933
 Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Ile Leu
 260 265 270

gga tat ttg ttt ggc agc aat aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg 981
 Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser
 275 280 285

tgg tac tac ccg tcc tat cct ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg 1029
 Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg
 290 295 300 305

gct tac tca ccc ctt cat gga ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca 1077
 Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser
 310 315 320

aac tca gac acg aaa acc aga act gca tca gga tat ggt ggt acc agg 1125
 Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Thr Arg
 325 330 335

aga cga taaagtagaa agttggagtc aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt 1181
 Arg Arg

catcaacttc tcttagaaa aaaagtacta cctgttaaca attggaaaaa gggatattc 1241

aaaagttcgg tggtggtatg tccagtgtag cttttgtat tctatttattt gaggctaaaa 1301

gttgatgtgt gacaaaatac ttatgttttg tatgtcagt taacatgcag atgtatattg 1361

cagttttga aagtgtatcat tactgtggaa tgctaaaaat acattaattt ctaaaaacctg 1421

tgtatgcccta agaagcatta agaatgaagg tgggtacta atagaaacta agtacagaaa 1481

atttcagttt taggtgggttg tagctgtatga gtttattaccc catagagact gtaatattct 1541

atttggattt atattatgg atgtttgcgtt ttcttcaaacc atttaatca agctttggac 1601

taattatgct aatttgtgag ttctgtatcac tttttagctc tgaagctttg aatcattcag 1661

tggtggagat ggccttctgg taactgaata ttaccttctg taggaaaagg tgaaaaataa 1721

gcattctagaa ggttgggttg aatgactctg tgctggcaaa aatgcttggaa acctctata 1781

ttcttcgtt cataagaggt aaaggtcaaa ttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa 1841

gcattgcagtt ctctgtgaaa tctcaaataat tgggtataata gtctgtttca atcttaaaaa 1901

gaatcaataa aaacaaacaa ggg 1924

<210> 5

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

115

120

125

<210> 6

<211> 702

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(605)

<400> 6

acaatcacag ctccggcat tggggaaacc cgagccggct gcgcggggg aatccgtcg 60

ggcgtttcc gtcccggtcc catcctcgcc ggcgtccagc acctctgaag tttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgagggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agtcaccct 180

aaaacatttta ttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc agt taagtgtact ctccctctcat 625

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

120

125

ccctttcttc cctttgagca ttgcctcttt tgggttcttt ttgagccaat tctaataaaa 685

gtaaaaatgg taatagt

702

<210> 7

<211> 233

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu

115

120

125

Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala

130

135

140

Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Asp Leu

145

150

155

160

特2001-088912

Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr

165

170

175

Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly

180

185

190

Val Val Leu Glu Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser

195

200

205

Gly Lys Ser His Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr

210

215

220

Pro Ser Gly Met Val Phe His Arg Val

225

230

<210> 8

<211> 2409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(923)

<400> 8

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccgggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtccccgtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag tttgcagcg 120

cccgaaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agtcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc 620

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val

120

125

130

tcc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg 668

Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp

135

140

145

act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc 716

Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe

150

155

160

aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat 764

Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp

165

170

175

180

gtc ctt cct tac gcc cag cat ctt cat cat tat ggt gtg gta ttg gag 812

Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly Val Val Leu Glu

185

190

195

gag gat cac cat gat gtc ccg acc ccc agt gct tct gga aaa agt cat 860

Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser Gly Lys Ser His

200

205

210

ctt tgc cct tgg gat ttc cat gac ctt tat caa tat ccc agt gga atg 908

Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr Pro Ser Gly Met

215

220

225

gtt ttc cat cgg gtt tgactggacc tggatgctgc tggttgtga catccgacag 963

Val Phe His Arg Val

230

ggcatttct atgcgatgct tctgtccttc tggatcatct tctgtggcga gcacatgatg 1023

gatcagcacg agcggAACCA catcgCAGGG tattGGAAGC aagtCGGACC cattGCCGTT 1083

ggccctttct gcctcttcat atttgacatg tgtgagagag gggtacaact cacgaatccc 1143

tctacagta tctggactac agacattgga acagagctgg ccatggcctt catcatcgtg 1203

gctggaatct gcctctgcct ctacttcctg tttctatgct tcattgttatt tcagggtttt 1263

cggAACATCA gtgggaAGCA gtccAGCCTG ccAGCTATGA gcaaAGTCCG gCGGCTACAC 1323

tatgaggggc taatTTTtag gttcaagttc ctcatgctta tcaccttggc ctgcgctgcc 1383

atgactgtca tcttcttcat cgtagtcag gtaacggaag gccattggaa atggggcggc 1443

gtcacagtcc aagtgaacag tgcTTTTTC acaggcatct atggatgtg gaatctgtat 1503

gtcttgctc tcatgttctt gtatgcacca tcccataaaa actatggaga agaccagtcc 1563

aatggcgatc tgggtgtcca tagtgggaa gaactccagc tcaccaccac tatcacccat 1623

gtggacggac ccactgagat ctacaagttg acccgcaagg aggcccagga gtaggaggct 1683

gcagcgcccc gctgggacgg tctctccata cccagcccc tctaactaga gtggggagca 1743

tgccagagag agctcaatgt acaaataaat gcctcatggc tcttagctgt gttttcttgg 1803

accagcggca tggacatttg tcagttgcc ttctgacggt agctttgga ggaagattcc 1863

tgcagccact aatgcattgt gtatgataac aaaaactctg gtatgacaca tttctgtga 1923

tcattgttaa ttagtgacat agtaacatct gtagcagctg gttagtaaac ctatgtggg 1983

ggtgggtgg gggtgtattc ctgggggat gtttggcc gaatgggag tggatatattt 2043

gacattttc ctgtttaaa ttctaggata gattnaaca tccttgcgg tccagtc当地 2103

aggtaggctg gtgtcatagt cttctactc ctaatccatg accactgtt tttcctatt 2163

tatataccca ggtagccac ttagttaata tttaagttgt caatagataa gtgtccctgt 2223

tttgtggcat aatataactg aatttcatga gaagatttt tccaccaggg gtatccagc 2283

tttgaacca aatctgtgt a tcaataacta accaatctgt tggatgtggg tttaaaaaaa 2343

tgtttgctaa actacccaag taagatttac tgtattaaat ggccttcggg tctgaaaagc 2403

ttttt

2409

<210> 9

<211> 198

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser

1 5 10 15

Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp

20 25 30

Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro

35 40 45

Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys

50 55 60

Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val Arg Gly Pro

65 70 75 80

Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg

85 90 95

Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu

100 105 110

Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile

115

120

125

Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp

130

135

140

Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala Asn Ala His Asp Val Leu Ala

145

150

155

160

Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln

165

170

175

Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp

180

185

190

Arg His Val Val Leu Ser

195

<210> 10

<211> 1498

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(679)

<400> 10

gtgcctgagc ctgaggcctga gcctgagccc gagccgggag ccggtcgcgg gggctccggg 60

ctgtgggacc gctgggcccc cagcg atg gcg acc ctg tgg gga ggc ctt ctt 112

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu

1

5

cgg ctt ggc tcc ttg ctc agc ctg tcg tgc ctg gcg ctt tcc gtg ctg 160

Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu

10

15

20

25

ctg ctg gcg cag ctg tca gac gcc gcc aag aat ttc gag gat gtc aga 208

Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg

30

35

40

tgt aaa tgt atc tgc cct ccc tat aaa gaa aat tct ggg cat att tat 256

Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr

45

50

55

aat aag aac ata tct cag aaa gat tgt gat tgc ctt cat gtt gtg gag 304

Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu

60

65

70

ccc atg cct gtg cgg ggg cct gat gta gaa gca tac tgt cta cgc tgt 352

Pro Met Pro Val Arg Gly Pro Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys

75

80

85

gaa tgc aaa tat gaa gaa aga agc tct gtc aca atc aag gtt acc att 400

Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile

90

95

100

105

ata att tat ctc tcc att ttg ggc ctt cta ctt ctg tac atg gta tat 448

Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr

110

115

120

ctt act ctg gtt gag ccc ata ctg aag agg cgc ctc ttt gga cat gca 496

Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala

125

130

135

cag ttg ata cag agt gat gat att ggg gat cac cag cct ttt gca 544

Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala

140

145

150

aat gca cac gat gtg cta gcc cgc tcc cgc agt cga gcc aac gtg ctg 592

Asn Ala His Asp Val Leu Ala Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu

155

160

165

aac aag gta gaa tat gca cag cag cgc tgg aag ctt caa gtc caa gag 640

Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu

170

175

180

185

cag cga aag tct gtc ttt gac cgg cat gtt gtc ctc agc taattggaa 689

Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp Arg His Val Val Leu Ser

190

195

ttgaattcaa ggtgactaga aagaaacagg cagacaactg gaaagaactg actgggtttt 749

gctgggtttc attttaatac ctgttgatt tcaccaactg ttgctggaag attcaaaaact 809

ggaagcaaaa acttgcttga ttttttttc ttgttaacgt aataatagag acattttaa 869

aagcacacag ctcaaagtca gccaataagt ctttcctat ttgtgacttt tactaataaa 929

aataaatctg cctgtaaatt atcttgaagt ccttacctg gaacaagcac tctcttttc 989

accacatagt ttaacttga cttcaagat aattttcagg gttttgttg ttgttgttt 1049

tttttgtt gtttggtag gagaggggag ggatgcctgg gaagtggta acaactttt 1109

tcaagtcaact ttactaaaca aactttgtt aatagacctt accttctatt ttcgagtttc 1169

atttatattt tgcatgttag ccagcctcat caaagagctg acttactcat ttgactttt 1229

cactgactgt attatctggg tatctgctgt gtctgcactt catggtaaac gggatctaaa 1289

atgcctggc gctttcaca aaaaggcagat tttcttcatg tactgtgatg tctgatgcaa 1349

tgcatcctag aacaaactgg ccatttgcta gtttactcta aagactaaac atagtcttgg 1409

tgtgtgtggc cttactcatc ttcttagtacc tttaaggaca aatcctaagg acttggacac 1469

ttgcaataaa gaaattttat tttaaaccc 1498

<210> 11

<211> 221

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly

1

5

10

15

Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu

20

25

30

Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu

35

40

45

Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro

50

55

60

Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu

65

70

75

80

Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu

85

90

95

Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile

100

105

110

Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe

115

120

125

Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala

130

135

140

Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp

145

150

155

160

Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly

165

170

175

Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe

180

185

190

Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr

195

200

205

Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr Arg Val Leu Phe Ile Tyr

210

215

220

<210> 12

<211> 1864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(815)

<400> 12

ctgagaagag cgtctcgccc gggagcggcg gcggccatcg agacccaccc aaggcgcg 60

ccccctcgccc tcccagcgct cccaagccgc agcggccg 120

gctcgctctg cttccctgct gccggctgct cc atg gcg ttg gcg ttg gcg gcg 173

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala

1 5

ctg gcg gcg gtc gag ccg gcc tgc ggc agc cgg tac cag cag ttg cag 221

Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln

10 15 20

aat gaa gaa gag tct gga gaa cct gaa cag gct gca ggt gat gct cct 269

Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro

25 30 35

cca cct tac agc agc att tct gca gag agc gca gca tat ttt gac tac 317

Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr

40 45 50 55

aag gat gag tct ggg ttt cca aag ccc cca tct tac aat gta gct aca 365

Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr

60 65 70

aca ctg ccc agt tat gat gaa gcg gag agg acc aag gct gaa gct act 413

Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr

75 80 85

atc cct ttg gtt cct ggg aga gat gag gat ttt gtg ggt cgg gat gat 461

Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp

90 95 100

ttt gat gat gct gac cag ctg agg ata gga aat gat ggg att ttc atg 509
 Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met
 105 110 115

tta act ttt ttc atg gca ttc ctc ttt aac tgg att ggg ttt ttc ctg 557
 Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu
 120 125 130 135

tct ttt tgc ctg acc act tca gct gca gga agg tat ggg gcc att tca 605
 Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser
 140 145 150

gga ttt ggt ctc tct cta att aaa tgg atc ctg att gtc agg ttt tcc 653
 Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser
 155 160 165

acc tat ttc cct gga tat ttt gat ggt cag tac tgg ctc tgg tgg gtg 701
 Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val
 170 175 180

ttc ctt gtt tta ggc ttt ctc ctg ttt ctc aga gga ttt atc aat tat 749
 Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr
 185 190 195

gca aaa gtt cggt aag atg cca gaa act ttc tca aat ctc ccc agg acc 797
 Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr
 200 205 210 215

aga gtt ctc ttt att tat taaagatgtt ttctggcaaa ggcccttcctg 845

Arg Val Leu Phe Ile Tyr

220

catttatgaa ttctctctca agaagcaaga gaacacctgc aggaagtcaa tcaagatgca 905

gaacacagag gaataatcac ctgctttaaa aaaataaagt actgttgaaa agatcatttc 965

tctctatttg ttccttaggtg taaaattta atagttaatg cagaattctg taatcattga 1025

atcatttagtg gttaatgttt gaaaaagctc ttgcaatcaa gtctgtgatg tattaataat 1085

gccttatata ttgttttag tcattttaaag tagcatgagc catgtccctg tagtcggtag 1145

ggggcagtct tgctttattc atcctccatc tcaaaatgaa ctggaaatta aatattgtaa 1205

gatatgtata atgctggcca ttttaaggg gtttctcaa aagttaaact ttgctatga 1265

ctgtgtttt gcacataatc catatttgc gttcaagttt atctagaaat ttattcaatt 1325

ctgtatgaac acctggaaagc aaaatcatag tgcaaaaata catttaaggt gtggtcaaaa 1385

ataagtcttt aattggtaaa taataagcat taatttttt tagcctgtat tcacaattct 1445

gcggtacctt attgtaccta agggattcta aagggttgt cactgtataa aacagaaagc 1505

actaggatac aaatgaagct taattactaa aatgttaattc ttgacactct ttctataatt 1565

agcgttcttc acccccaccc ccaccccccac cccccttatt ttcctttgt ctccctggta 1625

ttaggccaaa gtctgggagt aaggagagga ttaggtactt aggagcaaag aaagaagtag 1685

cttgaaactt ttgagatgat ccctaacata ctgtactact tgctttaca atgtgttagc 1745

agaaaccagt gggttataat gtagaatgat gtgccttctg cccaagtggt aattcatctt 1805

ggtttgctat gttaaaactg taaatacaac agaacattaa taaatatctc ttgtgttagc 1864

<210> 13

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1	5	10	15
---	---	----	----

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20	25	30
----	----	----

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35	40	45
----	----	----

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50	55	60
----	----	----

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65	70	75	80
----	----	----	----

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu

85 90 95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln

100 105 110

Arg Ile Gln Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala

115 120 125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe

130 135 140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile

145 150 155 160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu

165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr

180 185 190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu

195 200 205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg

210 215 220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe

225

230

235

240

Leu Leu

<210> 14

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 14

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gcg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50 55 60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65 70 75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80 85 90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu

95 100 105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110 115 120 125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

130 135 140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483

Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser

145 150 155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531

Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly

160

165

170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579

Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp

175

180

185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627

Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe

190 195 200 205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675

Leu Val Leu Gly Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu

210

215

220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723

Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaacccga cattccttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagttc gaaattgaat ggcagggtgg ttttgctta 898

caagccattt ctgttcatc tttaagtatc tatattcat ttgtttgca catatgcata 958

tgtccccatt taagatattt gcatatactt gatagaaacc ataaagtgt agcagttaag 1018

tccagtcaca tttggtaat cagtgttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttcagct tgtaaatgcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttgtata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

atttgtcaga ttttgaaca tgatatttac attattattt aggaaaactc ttccgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagcttc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatacaca 1438

cacacacata tatataatttta gaaacgtgag tgttaagat agaatttgtt ttaggacaaa 1498

tttaagaaa atgtggaat accaaatgtc cttataaga aaaataaatt ttattnaag 1558

ggacatacta gttttaggga tttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatctt gcaggaagag attgtatttag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa tttctaaat aagataattc tcattgtgt ttgtcttta aaaggccaa 1738

aaaatatctt tcagtatcat tgataataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatctt gtactatgaa tagcttcttg cttagtact ttaggattaa ctgtaaaaaa 1858

acatatacctg aactgagata tgcaaaatac tcatttcaa gttatggaaa tgtgttgtg 1918

gcata>tagga ctgtgggtc tgtgtgtgt gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactata ttcacatctt gcaaatacatt ttatgtctca 2038

tctgttttc ctttcggta tatcttggt tttgaatacc aacatttaaa atgatggat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatataa acagctataa ggaccttata aaattgattt 2158

cttatttattt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacattttc 2218

catttccaaa aaataaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatTTT ctaattttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagtttgtt tttgctaata tagcct 2324

<210> 15

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1

5

10

15

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20

25

30

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35 40 45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50 55 60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65 70 75 80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu

85 90 95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln

100 105 110

Arg Ile Gln Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala

115 120 125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe

130 135 140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile

145 150 155 160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu

165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr

180 185 190

特2001-088912

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu

195 200 205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg

210 215 220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe

225 230 235 240

Leu Leu

<210> 16

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 16

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1 5 10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15 20 25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gtg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala

30 35 40 45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50 55 60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65 70 75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80 85 90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu

95 100 105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110 115 120 125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

130

135

140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483

Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser

145

150

155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531

Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly

160

165

170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579

Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp

175

180

185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627

Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe

190

195

200

205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675

Leu Val Leu Gly Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu

210

215

220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723

Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaacccga cattccttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aacttataa gaagactact aataacagaa 838

gacaatttag tgaagaaaag acggagttc gaaattgaat ggcagggtgg ttttgctta 898

caagccattt ctgttcattc ttaagtatac tatatttcat ttgtttgca catatgcata 958

tgtcccatt taagatattt gcataactt gatagaaacc ataaaggtgt agcagttaaag 1018

tccagtcaca tttggtaat cagtgttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttcagct tgtaaatgcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagtttct ggctctttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttgtata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

atttgtcaga ttttgaaca tgatatttac attattattt aggaaaactc ttccctgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagcttcc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacacata tatatacaca 1438

cacacacata tatatatattt gaaacgtgag tgttaagat agaatttgtt ttaggacaaa 1498

tttaagaaa atgtggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttatTTtaag 1558

ggacatacta gttttaggga tttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatctt gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa tttctaaat aagataattc tcatttgtt ttgtcttta aaaggccaat 1738

aaaatatctt tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatctt gtactatgaa tagcttcttg cttagtactt ttaggattaa ctgtaaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcatttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtgggtc tgtgtgtgt gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactataat ttcccatctt gcaaattcatt ttatgtctca 2038

tctgttttc ctttcggta tatcttttgtt tttgaataacc aacatttaaa atgatggat 2098

tttatctttt aaactaaaaa attatttaat acagctataat ggaccttata aaattgattt 2158

cttattttt attagacatt actactaaaaa ggtacatcta actattcagg gacattttc 2218

catttccaaa aaataaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatTTT ctaattttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagtttgtt tttgctaata tagcct 2324

<210> 17

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1

5

10

15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20

25

30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35

40

45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Arg Gly Pro

50

55

60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65

70

75

80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85

90

95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100

105

110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115

120

125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr

130

135

140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr
 145 150 155 160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro
 165 170 175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala
 180 185 190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile
 195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln
 210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala
 225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn
 245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu
 260 265 270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr
 275 280 285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu
 290 295 300

Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met

305 310 315 320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325 330 335

<210> 18

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 18

cttactttc catctcctcc cacccagcta taccctccca ctggcgccgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5 10 15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20 25 30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298

Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70

75

80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346

Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85

90

95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394

Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn

100

105

110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442

Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro

115

120

125

130

cag att gtg cag gct gtg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490

Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser

135

140

145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538
 Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser
 150 155 160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586
 Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser
 165 170 175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634
 Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala
 180 185 190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682
 Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu
 195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730
 Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg
 215 220 225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778
 Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile
 230 235 240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826
 Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile
 245 250 255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys

260 265 270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922

Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn

275 280 285 290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970

Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu

295 300 305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310 315 320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325 330 335

tagagactgc atcaacccga cattccttgc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gttaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaatttag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg ttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcat ttgtttgca catatgcata tgtgccattt taagatattt 1300

gcataatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag tccagtcaca tttggtaat 1360

cagtgttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttcagct tgtaaatgcc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480

ttagttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc tttgttata 1540

taaggtgtat tcaaaccctgc agtgctgatt attagaaagg atttgtcaga ttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatacgttc actaattta aattaagtga 1720

actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatacaca cacacacata tatataattt 1780

gaaacgtgag tgttaaagat agaatttgtt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtggaaat 1840

accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacataccca gttttaggga 1900

tttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960

attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa tttctaaat 2020

aagataattc tcatttgtt ttgtctttt aaaggccaaat aaaatatctt tcagtatcat 2080

tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatcctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaatcatt ttatgtctca tctgttttc cttcggtta 2380

tatcttttgtt tttgaataacc aacatttaaa atgatggtat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttattt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacattttc cattccaaa aaataaaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtctt gataaataaaa 2620

acagtttgtt tttgct 2636

<210> 19

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1

5

10

15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20

25

30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35

40

45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50

55

60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65

70

75

80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85

90

95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100

105

110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115

120

125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr

130

135

140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr

145

150

155

160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro

165

170

175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala

180

185

190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile

195

200

205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln

210

215

220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala

225

230

235

240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn

245

250

255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu

260

265

270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr

275

280

285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu

290

295

300

Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met

305

310

315

320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

<210> 20

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 20

cttactttc catctcctcc cacccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5

10

15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac	298		
Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp			
70	75	80	
tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac	346		
Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His			
85	90	95	
cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac	394		
Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn			
100	105	110	
tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg	442		
Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro			
115	120	125	130
cag att gtg cag gct gcg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct	490		
Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser			
135	140	145	
tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca	538		
Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser			
150	155	160	
gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc	586		
Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Tyr Ser			
165	170	175	
gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct	634		

Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala

180 185 190

gct gca atg gca gct gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682

Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu

195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730

Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg

215 220 225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778

Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile

230 235 240

tgc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826

Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile

245 250 255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys

260 265 270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922

Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn

275 280 285 290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970

Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu

295

300

305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaacccga cattccttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gttaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaatttag tgaagaaaag 1180

acggagttc gaaattgaat ggcagggtgg ttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcat ttgtttgca catatgcata tgtgccatt taagatattt 1300

gcataactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag tccagtcaca tttggtaat 1360

cagttttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttcagct tgtaaatgcc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaattga 1480

tttagttct ggctctttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc tttgttata 1540

taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg atttgtcaga ttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt agaaaaactc ttccctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatacgttc actaattta aattaagtga 1720

actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatacaca cacacacata tatataattt 1780

gaaacgtgag tgttaaagat agaatttgg tttaggacaaa tttaagaaaa atgtggaaat 1840

accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacataccca gttttaggga 1900

tttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960

attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa tttctaaat 2020

aagataattc tcatttgtt ttgtctttt aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080

tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagcttcgg ctttatgact tttaggattaa ctgtaaaaa acatatcctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcatttcaa gttatggaaa tgtgttgtg gcatatagga ctgtgggtc 2260

tgtgtgtta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaattcatt ttatgtctca tctgttttc cttcggtta 2380

tatcttttgtt tttgaatacc aacatttaaa atgatggat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttattt attagacattt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacattttc catttccaaa aaataaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatTTT ctaatTTTT cattgtcttt gataaataaa 2620

acagtttgtt tttgct 2636

<210> 21

<211> 76

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Met Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr

1

5

10

15

Lys Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val

20

25

30

Ser Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn

35

40

45

Lys Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr

50

55

60

Lys Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Asp

65

70

75

<210> 22

<211> 1085

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(403)

<400> 22

gggctagcgg cctgggttgg gctttgttagc tgctccgcag gcccagcccg ggccgcgc 60

gcagagtcct aggccgtgcg cggcctccctg cctccctccct cctcggcggt cgccggccgc 120

cggcctccgc ggtgcctgcc ttgcgtctca gtttggaggag ctcaagcttg ggaaa atg 178

Met

1

gtg tgc att cct tgt atc gtc att cca gtt ctg ctc tgg atc tac aaa 226

Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr Lys

5

10

15

aaa ttc ctg gag cca tat ata tac cct ctg gtt tcc ccc ttc gtt agt 274

Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val Ser

20

25

30

cgt ata tgg cct aag aaa gca ata caa gaa tcc aat gat aca aac aaa 322

Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn Lys

35

40

45

ggc aaa gta aac ttt aag ggt gca gac atg aat gga tta cca aca aaa 370

Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr Lys

50

55

60

65

gga cca aca gaa atc tgt gat aaa aag aaa gac taaagaaatt ttccctaaagg 423

Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

70

75

accccatcat ttaaaaatg gacctgataa tatgaagcat cttccttgta attgtctctg 483

accttttat ctgagaccgg aattcaggat aggagtctag atatcacct gatactaatac 543

aggaaatata tgatatccgt attaaaaatg tagtagtta tatttaatga ctcattcct 603

aagttcctt ttcgttaatg tagcttcat ttctgttatt gctgttgaa taatatgatt 663

aaatagaagg tttgtgccag tagacattat gttactaat cagcactta aaatcttg 723

ttctctaatt catatgaatt tgctgttg tctaatttct ttgggctctt ctaatttgag 783

tggagtacaa ttttgttg aaacagtcca gtgaaactgt gcagggaaat gaaggtgaa 843

ttttgggagg taataatgt gtgaaacata aagatttaat aattactgtc caacacagt 903

gagcagcttg tccacaaata tagtaattac tatttattgc tctaaggaag attaaaaaaaa 963

gatagggaaa agggggaaac ttcttgaaa aatgaaacat ctgttacatt aatgtcta 1023

tataaaat tt taatccttac tgcatttctt ctgttcctac aaatgtatta aacattcagt 1083

tt 1085

<210> 23

<211> 84

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1	5	10	15
---	---	----	----

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20	25	30
----	----	----

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35	40	45
----	----	----

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr Trp

50	55	60
----	----	----

Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His Ser

65	70	75	80
----	----	----	----

Leu Ser Gly Leu

<210> 24

<211> 1593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(316)

<400> 24

agcgtcgct cacgcggagc agagctgagc tgaagcggga cccggagccc gaggcagccgc 60

cgcc atg gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc 109

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile

1

5

10

15

ctg ccg gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa 157

Leu Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys

20

25

30

gtg ctg tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag 205

Val Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln

35

40

45

att ccc ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac cct ttc tat 253

Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr

50

55

60

tgg atg aga gtg att cta gcc tct aac aga ggc aca ttg atg gag cac 301
 Trp Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His
 65 70 75

tct ctc tct ggc ctt tagggagtcc cctcttagga caggcactgc ccagcagcaa 356
 Ser Leu Ser Gly Leu
 80

ggcagcaga gttgggtgct aagatcctga ggagctcgag gttcgagct ggcttagac 416

attggtgga ccaaggatgt ttgcaggat gccctgatcc taagaagggg gcctgggggt 476

gcgtgcagcc tgcggggag accccactct gtgcacccat tggctttct agctgactct 536

tctcggtggg cttagagtct gcctgttct gctagctccg tggcttagtcc acttgggtca 596

tca gctctgc caagctgagc ctggccaagc taggtggaca gacccttgca gtgatgtccg 656

tttgtccaga ttctgccagt catcaactgga cacgtctcct cgccagctgcc ctagcaaggg 716

gagacattgt ggttagctatc agacatggac agaaaactgac ttagtgctca caagcccccta 776

cacccctctgg gctgaagatc acccagctgt gttcagaatt ttcttactgt gcttaggact 836

gcacgcaagt gagcagacac caccgacttc ctttctgcgt caccagtgtc gtcagcagag 896

agaggacagc acaggctcaa ggttggtagt gaagtcaggt tcggggtgca tggctgtgg 956

tgggtgtat cagttgctcc agtgtttgaa ataagaagac tcatgttat gtctggaata 1016

agttctgtt gtgctgacag gtgaccttgc tggcagtgct agccaggaaa cagagtgacc 1076

aaggacaag aaggacttg cctaaagcca cccagcaact cagcagcaga accaagatgg 1136

gccccaggct cctccatatg gcccagggct taccacccta tcacacgtgg ccttgtctag 1196

accagtcct gagcagggga gaggctcttg agacctgatg ccctcctacc cacatggttc 1256

tcccactgcc ctgtctgctc tgctgctaca gaggggcagg gcctcccca gcccacgctt 1316

aggaatgctt ggcctctggc aggcaaggcag ctgtacccaa gctggtgccc agggggctgg 1376

aaggcaccag gcctcaggag gagccccata gtcccgctg cagcctgtaa ccatcggctg 1436

ggccctgcaa ggcccacact cacgccctgt gggtgatggt cacggtggt gggtggggc 1496

tgaccccagc ttccagggga ctgtcaactgt ggacgccaaa atggcataac tgagataagg 1556

tgaataagtg acaaataaag ccagttttt acaaggt 1593

<210> 25

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1

5

10

15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20

25

30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35

40

45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala

50

55

60

Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys

65

70

75

80

Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln

85

90

95

Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met

100

105

110

Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly

115

120

125

Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile

130

135

140

Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr

145

150

155

160

特2001-088912

Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala

165

170

175

Leu Leu Phe

<210> 26

<211> 1820

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (114)..(650)

<400> 26

gtgtctctcg gcggagctgc tgtcagtgg aacgcgctgg gccgcggca gcgtcacctc 60

acgcggagca gagctgagct gaagcgggac ccggagcccg agcagccgcc gcc atg 116

Met

1

gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc ctg ccg 164

Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu Pro

5

10

15

gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa gtg ctg 212

Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val Leu

20

25

30

tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag att ccc 260

Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile Pro

35

40

45

ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac ccg gtc cat gca gtt 308

Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala Val

50

55

60

65

gta tac ata gtg ttc atg ctg ggc tcc tgt gca ttc ttc tcc aaa acg 356

Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys Thr

70

75

80

tgg att gag gtc tca ggt tcc tct gcc aaa gat gtt gca aag cag ctg 404

Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln Leu

85

90

95

aag gag cag cag atg gtg atg aga ggc cac cga gag acc tcc atg gtc 452

Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met Val

100

105

110

cat gaa ctc aac cgg tac atc ccc aca gcc gcg gcc ttt ggt ggg ctg 500

His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly Leu

115

120

125

tgc atc ggg gcc ctc tcg gtc ctg gct gac ttc cta ggc gcc att ggg 548

Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile Gly

130

135

140

145

tct gga acc ggg atc ctg ctc gca gtc aca atc atc tac cag tac ttt 596

Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe

150

155

160

gag atc ttc gtt aag gag caa agc gag gtt ggc agc atg ggg gcc ctg 644

Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala Leu

165

170

175

ctc ttc tgagcccgtc tcccggacag gttgaggaag ctgctccaga agcgcctcgg 700

Leu Phe

aaggggagct ctcatcatgg cgcggtgtgc tgcgccatat ggactttaa taatgtttt 760

gaatttcgta ttcttcatt ccactgtgta aagtgttaga cattttccaa tttaaaattt 820

tgcttttat cctggcactg gcaaaaagaa ctgtgaaagt gaatttattc agccgactgc 880

cagagaagtg ggaatggtat aggattgtcc ccaagtgtcc atgtaacttt ttttttaacc 940

tttgcacctt ctcagtgtcg tatgcggctg cagccgtctc acctgttcc ccacaaaggg 1000

aatttctcac tctgggtgga agcacaaaca ctgaaatgtc tacgtttcat ttggcagta 1060

gggtgtgaag ctgggagcag atcatgtatt tccggagac atgggacctt gctggcatgt 1120

ctccttcaca atcaggcgtg ggaatatctg gcttaggact gtttctctct aagacaccat 1180

tgtttccct tattttaaaa gtgattttt taaggacaga acttcttcca aaagagaggg 1240

atggcttcc cagaagacac tctggagacc ttgctggcag tgctagccag gaaacagagt 1300

gaccaaggga caagaaggga cttgcctaaa gccacccagc aactcagcag cagaaccaag 1360

atggcccca ggctcctcca tatggcccag ggcttaccac cctatcacac gtggccttgt 1420

ctagacccag tcctgagcag gggagaggct cttgagacct gatgccctcc tacccacatg 1480

gttctccac tgccctgtct gctctgctgc tacaragggg cagggcctcc cccagccac 1540

gcttaggaat gcttggcctc tggcaggcag gcagctgtac ccaagctggt gggcaggggg 1600

cttggaggca ccaggcctca ggaggagccc catagtcccg cctgcagcct gtaaccatcg 1660

gctggccct gcaaggccca cactcacgcc ctgtgggtga tggtcacggt gggtgggtgg 1720

ggcgtacccc cagcttccag gggactgtca ctgtggacgc caaaatggca taactsasat 1780

aaggtaata agtgacaaat aaagccagtt ttttacaagg 1820

<210> 27

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1

5

10

15

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20

25

30

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35

40

45

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50

55

60

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65

70

75

80

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85

90

95

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100

105

110

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115

120

125

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130

135

140

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro

145

150

155

160

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val

165

170

175

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln

180

185

190

Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln

195

200

205

Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser

210

215

220

Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly

225

230

235

240

Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr

245

250

255

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260

265

270

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

<210> 28

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(955)

<400> 28

gccccagcaga tgaggaagtgc caggcaggc aggctggccc cggggacttc tctctggccc 60

tgctccctcc gagcgctccg ccgttgcccg cctggccct acggagtcct tagccagg 118

atg gag gct gtt gtg aac ttg tac caa gag gtg atg aag cac gca gat 166
 Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1	5	10	15
---	---	----	----

ccc cgg atc cag ggc tac cct ctg atg ggg tcc ccc ttg cta atg acc 214
 Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20	25	30
----	----	----

tcc att ctc ctg acc tac gtg tac ttc gtt ctc tca ctt ggg cct cgc 262
 Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35	40	45
----	----	----

atc atg gct aat cgg aag ccc ttc cag ctc cgt ggc ttc atg att gtc 310
 Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50	55	60
----	----	----

tac aac ttc tca ctg gtg gca ctc tcc ctc tac att gtc tat gag ttc 358
 Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65	70	75	80
----	----	----	----

ctg atg tcg ggc tgg ctg agc acc tat acc tgg cgc tgt gac cct gtg 406
 Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85 90 95

gac tat tcc aac agc cct gag gca ctt agg atg gtt cgg gtg gcc tgg 454
 Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100 105 110

ctc ttc ctc ttc tcc aag ttc att gag ctg atg gac aca gtg atc ttt 502
 Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115 120 125

att ctc cga aag aaa gac ggg cag gtg acc ttc cta cat gtc ttc cat 550
 Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130 135 140

cac tct gtg ctt ccc tgg agc tgg tgg ggg gta aag att gcc ccg 598
 His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro
 145 150 155 160

gga gga atg ggc tct ttc cat gcc atg ata aac tct tcc gtg cat gtc 646
 Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val

165 170 175

ata atg tac ctg tac tac gga tta tct gcc ttt ggc cct gtg gca caa 694
 Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln

180 185 190

ccc tac ctt tgg tgg aaa aag cac atg aca gcc att cag ctg atc cag 742
 Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln
 195 200 205

ttt gtc ctg gtc tca ctg cac atc tcc cag tac tac ttt atg tcc agc 790
 Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser
 210 215 220

tgt aac tac cag tac cca gtc att att cac ctc atc tgg atg tat ggc 838
 Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly
 225 230 235 240

acc atc ttc ttc atg ctg ttc tcc aac ttc tgg tat cac tct tat acc 886
 Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr
 245 250 255

aag ggc aag cgg ctg ccc cgt gca ctt cag caa aat gga gct cca ggt 934
 Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly
 260 265 270

att gcc aag gtc aag gcc aac tgagaaggcat ggccttagata ggcccccacc 985
 Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn
 275

taagtgcctc aggactgcac ctttagggcag tgtccgtcag tgccctctcc acctacacct 1045

gtgaccaagg cttatgtggc caggactgag caggggactg gcccctccct ccccacagct 1105

gctctacagg gaccacggct ttggttccctc acccaacttcc cccgggcagc tccagggatg 1165

tggcctcatt gctgtctgcc actccagagc tgggggctaa aagggctgta cagttatttc 1225

ccccctccctg ccttaaaaact tgggagagga gcactcaggg ctggcccac aaagggtctc 1285

gtggccttt tcctcacaca gaagaggta gcaataatgt cactgtggac ccagtctcac 1345

tcctccaccc cacacactga agcagtagct tctggccaa aggtcagggg gggcggggc 1405

ctggaaatac agcctgtgga ggctgcttac tcaacttgt tcttaattaa aagtgacaga 1465

ggaaacc 1472

<210> 29

<211> 137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1

5

10

15

Ser Val Val Thr Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20

25

30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Ser

35

40

45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85 90 95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100 105 110

Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala

115 120 125

Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu

130 135

<210> 30

<211> 1788

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (145)..(555)

<400> 30

gtgcttcctg tggctgacgt catctggagg agatttgctt tcttttctc caaaagggga 60

gaaattgaa actgagtgcc ccacgatggg aagaggggaa agcccagggg tacaggaggc 120

ctctgggtga aggtagggc taac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc gtt 171

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val

1 5

ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc act atc atc atc tgc ttc 219

Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe

10 15 20 25

acc tgc tcc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt ccg 267

Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro

30 35 40

gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat cct 315

Val Val Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro

45 50 55

cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag ggc 363

Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly

60 65 70

tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac cca 411

Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro

75 80 85

atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg gcc 459

Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala

90

95

100

105

tac cac gag acc ctg gct gga gga gca gcc gcg ccc tac ccc gcc agc 507

Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser

110

115

120

cag cct cct tac aac ccg gcc tac atg gat gcc ccg aag gcg gcc ctc 555

Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu

125

130

135

tgagcattcc ctggcccttc tggctgccac ttgggttatgt tgtgtgtgtg cgtgagtgg 615

gtgcaggcgc ggttcccttac gccccatgtg tgctgtgtgt gtccaggcac ggttcccttac 675

gccccatgtg tgctgtgtgt gtcctgccgt tatatgtggc ttccctgtat gctgacaagg 735

tgggaaacaa tccttgcag agtgggctgg gaccagactt tttctttc ctcacctgaa 795

attatgcttc ctaaaatctc aagccaaact caaagaatgg ggtgggtgggg ggcaccctgt 855

gaggtggccc ctgagaggtg gggcccttc cagggcacat ctggagttct tctccagctt 915

acccttagggt gaccaagtag ggcctgtcac accagggtgg cgccagcttc tgtgtgatgc 975

agatgtgtcc tggtttcggc agcgtagcca gctgctgctt gaggccatgg ctcgtccccg 1035

gagttggggg tacccggtgc agagccaggg acatgatgca ggcgaagctt gggatctggc 1095

caagttggac ttgtatcctt tggcagatg tccattgt ccctggagcc tgtcatgcct 1155

gttggggatc aggccgcctc ctgatgccag aacacctcg gcagagccct actcagctgt 1215

acctgtctgc ctggactgtc ccctgtcccc gcatctcccc tggaccaggc tggagggcca 1275

catgcacaca cagcctagct gcccccaggg agctctgctg cccttgctgg ccctgcccctt 1335

cccacaggtg agcagggctc ctgtccacca gcacactcg ttctcttccc tgcagtgttt 1395

tcattttatt ttagccaaac atttgcctg tttctgttt caaacatkat agttgatatg 1455

agactgaaac ccctgggttg tggagggaaa ttggctaga gatggacaac ctggcaactg 1515

ttagtccctg cttcccgaca ccagcctcat ggaatatgca acaactcctg tacccagtc 1575

cacggtgttc tggcagcagg gacacctggg ccaatgggcc atctggacca aaggtgggtt 1635

gtggggccct ggatggcagc tctggccctag acatgaatac ctcgtgttcc tcctccctct 1695

attactgttt caccagagct gtcttagctc aaatctgttg tgttctgag tctagggtct 1755

gtacacttgt ttataataaa tgcaatcggt tgg 1788

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1

5

10

15

Ser Val Val Thr Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Leu

20

25

30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Ser

35

40

45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50

55

60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65

70

75

80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85

90

95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100

105

110

Glu Cys Pro Cys Gln Leu

115

<210> 32

<211> 1908

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(444)

<400> 32

gggggaggaa attgaaaactg agtggccac gatggagaaga gggaaagcc caggggtaca 60

ggaggcctct gggtgaaggc agaggctaac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc 114

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala

1

5

gtt ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc act atc atc atc tgc 162

Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys

10

15

20

ttc acc tgc tcc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt 210

Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg

25

30

35

40

ccg gtt gtc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat 258

Pro Val Val Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr

45

50

55

cct cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag 306

Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln

60

65

70

ggc tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac 354

Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr

75

80

85

cca atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg 402

Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro

90

95

100

gcc tac cac gag acc ctg gct ggt gag tgc ccc tgc caa ctc 444

Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Glu Cys Pro Cys Gln Leu

105

110

115

tagccctgcc cgacttcccg agtctctgcc agcatccctc gggcacccat cccaaactac 504

atcactcaac aggccctctgc ccctttctgc ttgcctgcc a ctcacacggc agcccaccat 564

gctcacagcc aaccagggtc ctctctgctt tcaggaggag cagccgcgcc ctacccgc 624

agccagcctc cttacaaccc ggcctacatg gatccccga aggccgcctc ctgagcattc 684

cctggcctct ctggctgcc ctgggttatg ttgtgtgtgt gcgtgagtgg tgtgcaggcg 744

cggttcccta cgccccatgt gtgctgtgtg tgtccaggca cggttcccta cgccccatgt 804

tgctgtgtg tgtcctgcct gatatgtgg cttccctctga tgctgacaag gtggggaca 864

atccttgcca gagtgggctg ggaccagact ttgttctt cctcacctga aattatgctt 924

cctaaaatct caagccaaac tcaaagaatg gggtggtggg gggcacccctg tgaggtggcc 984

cctgagaggt gggggcctct ccagggcaca tctggagttc ttctccagct taccctaggg 1044

tgaccaagta gggcctgtca caccagggtg gcgcagctt ctgtgtatg cagatgtgtc 1104

ctggtttcgg cagcgttagcc agctgctgct tgaggccatg gctcgcccc ggagttgggg 1164

gtacccgttg cagagccagg gacatgatgc aggcaagct tggatctgg ccaagttgga 1224

ctttgatcct ttgggcagat gtcccattgc tccctggagc ctgtcatgcc tttggggat 1284

caggcagcct cctgatgcca gaacacctca ggcagagccc tactcagctg tacctgtctg 1344

cctggactgt cccctgtccc cgcatctccc ctgggaccag ctggagggcc acatgcacac 1404

acagcctagc tgcccccagg gagctctgct gcccttgctg gccctgcct tcccacaggt 1464

gagcagggct cctgtccacc agcacactca gttctttcc ctgcagtgtt ttcattttat 1524

tttagccaaa catttgcct gtttctgtt tcaaacatga tagttgatata gagaactgaaa 1584

ccccctgggtt gtggagggaa attggctcag agatggacaa cctggcaact gtgagtcct 1644

gcttcccgac accagcctca tgaaatatgc aacaactcct gtacccagt ccacgggttt 1704

ctggcagcag ggacacctgg gccaatgggc catctggacc aaaggtgggg tgtggggccc 1764

tggatggcag ctctggccca gacatgaata cctcggttc ctccctccctc tattactgtt 1824

tcaccagagc tgtcttagct caaatctgtt gtgtttctga gtctagggtc tgtacacttg 1884

tttataataa atgcaatcg tttgg 1908

<210> 33

<211> 168

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro Val Gln

1	5	10	15
---	---	----	----

Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro Gln Ala

20	25	30
----	----	----

Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr Arg Pro

35	40	45
----	----	----

Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser Ala Ala

50	55	60
----	----	----

Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val Ala Val

65	70	75	80
----	----	----	----

Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val Gly Pro

85	90	95
----	----	----

Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr Asp Ala

100

105

110

Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro Pro Pro

115

120

125

Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met Gln Gly

130

135

140

Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met Gly Gly

145

150

155

160

Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

165

<210> 34

<211> 1897

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(573)

<400> 34

ctccgaacag gaagaggacg aaaaaataaa ccgtccgcga cgccgagaca aaccggaccc 60

gcaaccacc atg aac agc aaa ggt caa tat cca aca cag cca acc tac cct 111

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro

1

5

10

gtg cag cct cct ggg aat cca gta tac cct cag acc ttg cat ctt cct 159

Val Gln Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro

15

20

25

30

cag gct cca ccc tat acc gat gct cca cct gcc tac tca gag ctc tat 207

Gln Ala Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr

35

40

45

cgt ccg agc ttt gtg cac cca ggg gct gcc aca gtc ccc acc atg tca 255

Arg Pro Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser

50

55

60

gcc gca ttt cct gga gcc tct ctg tat ctt ccc atg gcc cag tct gtg 303

Ala Ala Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val

65

70

75

gct gtt ggg cct tta ggt tcc aca atc ccc atg gct tat tat cca gtc 351

Ala Val Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val

80

85

90

ggt ccc atc tat cca cct ggc tcc aca gtg ctg gtg gaa gga ggg tat 399

Gly Pro Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Tyr

95

100

105

110

gat gca ggt gcc aga ttt gga gct ggg gct act gct ggc aac att cct 447

Asp Ala Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro

115

120

125

cct cca cct cct gga tgc cct ccc aat gct gct cag ctt gca gtc atg 495

Pro Pro Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met

130

135

140

cag gga gcc aac gtc ctc gta act cag cgg aag ggg aac ttc ttc atg 543

Gln Gly Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met

145

150

155

ggg ggt tca gat ggt ggc tac acc atc tgg tgaggaacca aggccaccc 593

Gly Gly Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

160

165

tgtgccggga aagacatcac atacccatcg cacttctcac aatgtactg cttagtcat 653

attaacctga agttgcagtt tagacacatg ttgttggt gtcttctgg tgcccaaact 713

ttcaggcact tttcaaattt aataaggaac catgtaatgg tagcagtacc tccctaaaggc 773

atttttaggt aggggaggta tccattcata aaatgaatgt gggtaagcc gccctaagg 833

ttttccttta atttctctgg agtaatactg taccatactg gtcttgctt ttagtaataa 893

aacatcaaat tagtttgga ggaaaccttg atcttcctaa gaattaaagt tgccaaatta 953

ttctgattgg tcttaatct ccttaagtc tttgatatat attacttgtt ataaatggaa 1013

cgcattagtt gtctgcctt tccttccat ccctgcccc acccatccca tctccaaccc 1073

tagtcttcca ttccctcccg ccagtctcca ttgaatcaat ggtgcaggac agaaagccag 1133

tca gactaat ttccctctt cctcgcactt ctccccactc gtcatcttt aactagtgtt 1193

tcacaaggat cctctgaaac cctctctgtg ccccaagtac agatgccatt acttctgctt 1253

tcgtatctcc tcaggcaaaa gtggagggtg ccttatggc ctcctcata gttgtctct 1313

gcatacacga acctaacccaa atttgctt ggtgccagaa aaactgagct atgtttgaac 1373

aaagatgtcg tgcaaactgt actgtgaaca acagttggtt taaaatatga gggcaagga 1433

ggaggatgca ttcaaaagc ttgattgatg tttcagagc taaattaaga ggagtttca 1493

gatcaaaaac tggttaccat ttttgtcag agtgtctgat gcggccactc attcggctcc 1553

ccagaattcc tagactgggt taatagggtc atattgtcaa tgtctacta caaaatgact 1613

tgagtccagt gaaatctcat tagggttaa gaatattca gggatccta atgtttgat 1673

ttttgtttc taaaatttga ttatatttta ttatctta taatttcagt tcataat 1733

tgtgtttct gtacatgtga ttttgactg taccattgac ttttatggaa gttcagcggt 1793

gtatgtctct ctctacactg tggcactt aacttggaa attttatac taaaatgta 1853

gaataaagac tatttgaag atttgaataa agtcatgaag ttgc 1897

<210> 35

<211> 455

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu

1

5

10

15

Phe Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp

20

25

30

Tyr Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe

35

40

45

Ala Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly

50

55

60

Val Leu Asn Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys

65

70

75

80

Val Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr

85

90

95

Phe Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe

100

105

110

Ser Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly

115 120 125

Asp Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu

130 135 140

Gln Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu

145 150 155 160

Leu Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr

165 170 175

Phe Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg

180 185 190

Leu Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala

195 200 205

Met Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro

210 215 220

Ser Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly

225 230 235 240

Ser Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu

245 250 255

Leu Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys

260 265 270

Glu Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe

275 280 285

Leu Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala

290 295 300

Thr Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr

305 310 315 320

Arg Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val

325 330 335

Lys Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile

340 345 350

Val Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr

355 360 365

Ala Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Ala

370 375 380

Gln Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met

385 390 395 400

Ser Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu

405 410 415

Leu Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val

420

425

430

Ser Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala

435

440

445

Pro Glu Lys Gln Met Ala Pro

450

455

<210> 36

<211> 1903

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (116)..(1480)

<400> 36

agtccggct gcagcacctg ggagaaggca gaccgtgtga gggggcctgt ggccccagcg 60

tgctgtggcc tcggggagtg ggaagtggag gcaggagcct tccttacact tcgcc atg 118

Met

1

agt ttc ctc atc gac tcc agc atc atg att acc tcc cag ata cta ttt 166

Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu Phe

5

10

15

ttt gga ttt ggg tgg ctt ttc atg cgc caa ttg ttt aaa gac tat 214
 Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp Tyr
 20 25 30

gag ata cgt cag tat gtt gta cag gtg atc ttc tcc gtg acg ttt gca 262
 Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe Ala
 35 40 45

ttt tct tgc acc atg ttt gag ctc atc atc ttt gaa atc tta gga gta 310
 Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly Val
 50 55 60 65

ttg aat agc agc tcc cgt tat ttt cac tgg aaa atg aac ctg tgt gta 358
 Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys Val
 70 75 80

att ctg ctg atc ctg gtt ttc atg gtg cct ttt tac att ggc tat ttt 406
 Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr Phe
 85 90 95

att gtg agc aat atc cga cta ctg cat aaa caa cga ctg ctt ttt tcc 454
 Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe Ser
 100 105 110

tgt ctc tta tgg ctg acc ttt atg tat ttc ttc tgg aaa cta gga gat 502
 Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly Asp
 115 120 125

ccc ttt ccc att ctc agc cca aaa cat ggg atc tta tcc ata gaa cag 550

Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu Gln
 130 135 140 145

ctc atc agc cgg gtt ggt gtg att gga gtg act ctc atg gct ctt ctt 598
 Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu Leu
 150 155 160

tct gga ttt ggt gct gtc aac tgc cca tac act tac atg tct tac ttc 646
 Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr Phe
 165 170 175

ctc agg aat gtg act gac acg gat att cta gcc ctg gaa cgg cga ctg 694
 Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg Leu
 180 185 190

ctg caa acc atg gat atg atc ata agc aaa aag aaa agg atg gca atg 742
 Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala Met
 195 200 205

gca cgg aga aca atg ttc cag aag ggg gaa gtg cat aac aaa cca tca 790
 Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro Ser
 210 215 220 225

ggg ttc tgg gga atg ata aaa agt gtt acc act tca gca tca gga agt 838
 Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly Ser
 230 235 240

gaa aat ctt act ctt att caa cag gaa gtg gat gct ttg gaa gaa tta 886
 Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu Leu

245

250

255

agc agg cag ctt ttt ctg gaa aca gct gat cta tat gct acc aag gag 934

Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys Glu

260

265

270

aga ata gaa tac tcc aaa acc ttc aag ggg aaa tat ttt aat ttt ctt 982

Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe Leu

275

280

285

ggt tac ttt ttc tct att tac tgt gtt tgg aaa att ttc atg gct acc 1030

Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala Thr

290 295 300 305

atc aat att gtt ttt gat cga gtt ggg aaa acg gat cct gtc aca aga 1078

Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr Arg

310

315

320

ggc att gag atc act gtg aat tat ctg gga atc caa ttt gat gtg aag 1126

Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val Lys

325

330

335

ttt tgg tcc caa cac att tcc ttc att ctt gtt gga ata atc atc gtc 1174

Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile Val

340

345

350

aca tcc atc aga gga ttg ctg atc act ctt acc aag ttc ttt tat gcc 1222

Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr Ala

355

360

365

atc tct agc agt aag tcc tcc aat gtc att gtc ctg cta tta gca cag 1270

Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala Gln

370

375

380

385

ata atg ggc atg tac ttt gtc tcc tct gtg ctg ctg atc cga atg agt 1318

Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met Ser

390

395

400

atg cct tta gaa tac cgc acc ata atc act gaa gtc ctt gga gaa ctg 1366

Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu Leu

405

410

415

cag ttc aac ttc tat cac cgt tgg ttt gat gtg atc ttc ctg gtc agc 1414

Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val Ser

420

425

430

gct ctc tct agc ata ctc ttc ctc tat ttg gct cac aaa cag gca cca 1462

Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala Pro

435

440

445

gag aag caa atg gca cct tgaacttaag cctactacag actgttagag 1510

Glu Lys Gln Met Ala Pro

450

455

gccagtggtt tcaaaattta gatataagag gggggaaaaaa tggaaccagg gcctgacatt 1570

ttataaacaa acaaaatgct atggttagcat tttcacctt catagcatac tcctccccg 1630

tcaggtgata ctatgaccat gagtagcatc agccagaaca tgagagggag aactaactca 1690

agacaatact cagcagagag catcccgtgt ggatatgagg ctggtgtaga ggcggagagg 1750

agccaagaaa ctaaaggtga aaaatacact ggaactctgg ggcaagacat gtctatggta 1810

gctgagccaa acacgttagga tttccgtttt aaggttcaca tggaaaaggt tatacgttt 1870

ccttgaggatt gactcattaa aatcagagac tgt 1903

<210> 37

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Met Ser Ser Leu Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser

1

5

10

15

Ser Ser Thr Asn Gly Ser Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala

20

25

30

Gly Ala Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Pro Ala Ser

35

40

45

Val Ala Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile

50

55

60

Ile Ser Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser
 65 70 75 80

His Tyr Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Met
 85 90 95

Met Gly Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala
 100 105 110

Ser Leu Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp
 115 120 125

Lys Ser Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu
 130 135 140

Leu Ser Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu
 145 150 155 160

Thr Leu Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val
 165 170 175

Gln Glu His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp
 180 185 190

Met Glu Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe
 195 200 205

Pro Tyr Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr
 210 215 220

Pro Ala Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu

225 230 235 240

Ala Glu Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly

245 250 255

Lys Lys Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg

260 265 270

Ile Asn Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His

275 280 285

Gln Ile Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Pro Ser

290 295 300

Ala Ala Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp

305 310 315 320

Phe Gln

<210> 38

<211> 1448

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (292)..(1257)

<400> 38

tactgctggc ggctggagcg gagcgcaccg cggcggtggt gcccagagcg gagcgcagct 60

ccctgccccg cccctccccc tcggcctcgc ggcgacggcg gcgggtggcg ctggacgac 120

tcggagagcc gagtgaagac atttcacctt ggacacctga ccatgtgcct gccctgagca 180

gcgaggccca ccaggcatct ctgttgtgg cagcagggcc aggtcctggt ctgtggaccc 240

tcggcagttt gcaggctccc tctgcagtgg ggtctgggcc tcggcccac c atg tcg 297

Met Ser

1

agc ctc ggc ggt ggc tcc cag gat gcc ggc ggc agt agc agc agc agc 345

Ser Leu Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser

5

10

15

acc aat ggc agc ggt ggc agt ggc agc agt ggc cca aag gca gga gca 393

Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala Gly Ala

20

25

30

gca gac aag agt gca gtg gtg gct gcc gca cca gcc tca gtg gca 441

Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Pro Ala Ser Val Ala

35

40

45

50

gat gac aca cca ccc ccc gag cgt cgg aac aag agc ggt atc atc agt 489

Asp Asp Thr Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile Ile Ser

55 60 65

gag ccc ctc aac aag agc ctg cgc cgc tcc cgc ccg ctc tcc cac tac 537

Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser His Tyr

70 75 80

tct tct ttt ggc agc agt ggt ggt agt ggc ggt ggc agc atg atg ggc 585

Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Ser Met Met Gly

85 90 95

gga gag tct gct gac aag gcc act gcg gct gca gcc gct gcc tcc ctg 633

Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu

100 105 110

ttg gcc aat ggg cat gac ctg gcg gcg gcc atg gcg gtg gac aaa agc 681

Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp Lys Ser

115 120 125 130

aac cct acc tca aag cac aaa agt ggt gct gtg gcc agc ctg ctg agc 729

Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu Leu Ser

135 140 145

aag gca gag cgg gcc acg gag ctg gca gcc gag gga cag ctg acg ctg 777

Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu Thr Leu

150 155 160

cag cag ttt gcg cag tcc aca gag atg ctg aag cgc gtg gtg cag gag 825

Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val Gln Glu

165

170

175

cat ctc ccg ctg atg agc gag gcg ggt gct ggc ctg cct gac atg gag 873

His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp Met Glu

180

185

190

gct gtg gca ggt gcc gaa gcc ctc aat ggc cag tcc gac ttc ccc tac 921

Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe Pro Tyr

195

200

205

210

ctg ggc gct ttc ccc atc aac cca ggc ctc ttc att atg acc ccg gca 969

Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr Pro Ala

215

220

225

ggt gtg ttc ctg gcc gag agc gcg ctg cac atg gcg ggc ctg gct gag 1017

Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu Ala Glu

230

235

240

tac ccc atg cag gga gag ctg gcc tct gcc atc agc tcc ggc aag aag 1065

Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly Lys Lys

245

250

255

aag cgg aaa cgc tgc ggc atg tgc gcg ccc tgc cgg cgg cgc atc aac 1113

Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg Ile Asn

260

265

270

tgc gag cag tgc agc agt tgt agg aat cga aag act ggc cat cag att 1161

Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His Gln Ile

275

280

285

290

tgc aaa ttc aga aaa tgt gag gaa ctc aaa aag aag cct tcc gct gct 1209

Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Pro Ser Ala Ala

295

300

305

ctg gag aag gtg atg ctt ccg acg gga gcc gcc ttc cgg tgg ttt cag 1257

Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp Phe Gln

310

315

320

tgacggcggc ggaacctaaa gctgccctct ccgtgcaatg tcactgctcg tgtggtctcc 1317

agcaagggat tcgggcgaag acaaacggat gcacccgtct ttagaaccaa aaatattctc 1377

tcacagattt cattcctgtt ttatataata tatttttgt tgtcgttta acatctccac 1437

gtccctagca t 1448

<210> 39

<211> 313

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

Met Ala Gly Gln Pro Gly His Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn

1

5

10

15

Leu Cys His Thr Leu Gly Pro Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His

20

25

30

Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu

35	40	45
----	----	----

Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys

50	55	60
----	----	----

Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu

65	70	75	80
----	----	----	----

Met Met Asp Ala Lys Ala Arg Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu

85	90	95
----	----	----

Leu Lys Gln Leu Asn His Pro Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe

100	105	110
-----	-----	-----

Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly

115	120	125
-----	-----	-----

Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile

130	135	140
-----	-----	-----

Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val

145	150	155	160
-----	-----	-----	-----

Glu His Met His Ser Arg Arg Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala

165	170	175
-----	-----	-----

Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly

180

185

190

Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val

195

200

205

Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr

210

215

220

Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met

225

230

235

240

Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser

245

250

255

Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu

260

265

270

His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro

275

280

285

Asp Pro His Gln Arg Pro Asp Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys

290

295

300

Gln Met His Ile Trp Met Ser Ser Thr

305

310

<210> 40

<211> 1597

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(1091)

<400> 40

ggcggaaccg agctgacggg cgtgcggccg ctgcgccgca aactcgtgtg ggacgcaccg 60

ctccagccgc ccgcgggcca ggcgcaccgtt ccccccaggcgg cagccgagcc cgcgcgcgcg 120

ccgttcgtgc cctcgtgagg ctggcatgca gg atg gca gga cag ccc ggc cac 173

Met Ala Gly Gln Pro Gly His

1 5

atg ccc cat gga ggg agt tcc aac aac ctc tgc cac acc ctg ggg cct 221

Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn Leu Cys His Thr Leu Gly Pro

10 15 20

gtg cat cct cct gac cca cag agg cat ccc aac acg ctg tct ttt cgc 269

Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg

25 30 35

tgc tcg ctg gcg gac ttc cag atc gaa aag aag ata ggc cga gga cag 317

Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln

40 45 50 55

ttc agc gag gtg tac aag gcc acc tgc ctg gac agg aag aca gtg 365

Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val

60 65 70

gct ctg aag aag gtg cag atc ttt gag atg atg gac gcc aag gcg agg 413

Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu Met Met Asp Ala Lys Ala Arg

75 80 85

cag gac tgt gtc aag gag atc ggc ctc ttg aag caa ctg aac cac cca 461

Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu Leu Lys Gln Leu Asn His Pro

90 95 100

aat atc atc aag tat ttg gac tcg ttt atc gaa gac aac gag ctg aac 509

Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn

105 110 115

att gtg ctg gag ttg gct gac gca ggg gac ctc tcg cag atg atc aag 557

Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys

120 125 130 135

tac ttt aag aag cag aag cgg ctc atc ccg gag agg aca gta tgg aag 605

Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys

140 145 150

tac ttt gtg cag ctg tgc agc gcc gtg gag cac atg cat tca cgc cgg 653

Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val Glu His Met His Ser Arg Arg

155 160 165

gtg atg cac cga gac atc aag cct gcc aac gtg ttc atc aca gcc acg 701

Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr

170

175

180

ggc gtc gtg aag ctc ggt gac ctt ggt ctg ggc cgc ttc ttc agc tct 749

Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser

185

190

195

gag acc acc gca gcc cac tcc cta gtg ggg acg ccc tac tac atg tca 797

Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser

200

205

210

215

ccg gag agg atc cat gag aac ggc tac aac ttc aag tcc gac atc tgg 845

Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp

220

225

230

tcc ttg ggc tgt ctg ctg tac gag atg gca gcc ctc cag agc ccc ttc 893

Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe

235

240

245

tat gga gat aag atg aat ctc ttc tcc ctg tgc cag aag atc gag cag 941

Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln

250

255

260

tgt gac tac ccc cca ctc ccc ggg gag cac tac tcc gag aag tta cga 989

Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg

265

270

275

gaa ctg gtc agc atg tgc atc tgc cct gac ccc cac cag aga cct gac 1037

Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro Asp Pro His Gln Arg Pro Asp

280

285

290

295

atc gga tac gtg cac cag gtg gcc aag cag atg cac atc tgg atg tcc 1085

Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys Gln Met His Ile Trp Met Ser

300

305

310

agc acc tgagcgtgga tgcaccgtgc cttatcaaag ccagcaccac tttgccttac 1141

Ser Thr

ttgagtcgtc ttctcttcga gtggccacct ggtagcctag aacagctaag accacagggt 1201

tcagcaggtt ccccaaaagg ctgcccagcc ttacagcaga tgctgaaggc agagcagctg 1261

agggaggggc gctggccaca tgtcaactgat ggtcagattc caaagtccct tctttatact 1321

gttgtggaca atctcagctg ggtcaataag ggcaggtggc tcagcgagcc acggcagccc 1381

cctgtatctg gattgtaatg tgaatcttta gggtaattcc tccagtgacc tgtcaaggct 1441

tatgctaaca ggagacttgc aggagaccgt gtgatttgtagtgaggct ttgaaaatgg 1501

ttagtaccgg gttcagtttta gttcttgta tctttcaat caagctgtgt gcttaattta 1561

ctctgttgta aaggataaaa gtggaaatca tttttt 1597

<210> 41

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro

1

5

10

15

Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr

20

25

30

Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln

35

40

45

Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr

50

55

60

Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro

65

70

75

80

Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln

85

90

95

Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn

100

105

110

Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro

115

120

125

Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn

130

135

140

Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala
 145 150 155 160

Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr
 165 170 175

Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe
 180 185 190

Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe
 195 200 205

Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His
 210 215 220

Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr
 225 230 235 240

Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met
 245 250 255

Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser
 260 265 270

Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val
 275 280 285

Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg
 290 295 300

Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe

305 310 315 320

Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln

325 330 335

Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr

340 345 350

Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg

355 360 365

Ala Lys Glu

370

<210> 42

<211> 1781

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(1203)

<400> 42

atggccatc accgcgcggc cgcgcagcgg acaccgtgcg taccggcctg cggcgccccgg 60

ccacccggggc ggaccgcgga acccgaggcc atg tcc cat gaa aag agt ttt ttg 114

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu

1 5

gtg tct ggg gac aac tat cct ccc ccc aac cct gga tat ccg ggg ggg 162

Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly

10 15 20

ccc cag cca ccc atg ccc ccc tat gct cag cct ccc tac cct ggg gcc 210

Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala

25 30 35 40

cct tac cca cag ccc cct ttc cag ccc tcc ccc tac ggt cag cca ggg 258

Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly

45 50 55

tac ccc cat ggc ccc agc ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggt 306

Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly

60 65 70

ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggc ccc tac cca caa gag ggc 354

Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly

75 80 85

tac cca cag ggc ccc tac ccc caa ggg ggc tac ccc cag ggg cca tat 402

Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr

90 95 100

ccc cag agc ccc ttc ccc ccc aac ccc tat gga cag cca cag gtc ttc 450

Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe
 105 110 115 120

cca gga caa gac cct gac tca ccc cag cat gga aac tac cag gag gag 498
 Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu
 125 130 135

ggt ccc cca tcc tac tat gac aac cag gac ttc cct gcc acc aac tgg 546
 Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp
 140 145 150

gat gac aag agc atc cga cag gcc ttc atc cgc aag gtg ttc cta gtg 594
 Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val
 155 160 165

ctg acc ttg cag ctg tcg gtg acc ctg tcc acg gtg tct gtg ttc act 642
 Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr
 170 175 180

ttt gtt gcg gag gtg aag ggc ttt gtc cgg gag aat gtc tgg acc tac 690
 Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr
 185 190 195 200

tat gtc tcc tat gct gtc ttc atc tct ctc atc gtc ctc agc tgt 738
 Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys
 205 210 215

tgt ggg gac ttc cgg cga aag cac ccc tgg aac ctt gtt gca ctg tcg 786
 Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser

220

225

230

gtc ctg acc gcc agc ctg tcg tac atg gtg ggg atg atc gcc agc ttc 834

Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe

235

240

245

tac aac acc gag gca gtc atc atg gcc gtg ggc atc acc aca gcc gtc 882

Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val

250

255

260

tgc ttc acc gtc gtc atc ttc tcc atg cag acc cgc tac gac ttc acc 930

Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr

265 270 275 280

tca tgc atg ggc gtg ctc ctg gtg agc atg gtg gtg ctc ttc atc ttc 978

Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe

285

290

295

gcc att ctc tgc atc ttc atc cgg aac cgc atc ctg gag atc gtg tac 1026

Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr

300

305

310

gcc tca ctg ggc gct ctg ctc ttc acc tgc ttc ctc gca gtg gac acc 1074

Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr

315

320

325

cag ctg ctg ctg ggg aac aag cag ctg tcc ctg agc cca gaa gag tat 1122

Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr

330

335

340

gtg ttt gct gcg ctg aac ctg tac aca gac atc atc aac atc ttc ctg 1170

Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu

345 350 355 360

tac atc ctc acc atc att ggc cgc gcc aag gag tagccgagct ccagctcgct 1223

Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg Ala Lys Glu

365 370

gtgccccgtc aggtggcacg gctggcctgg accctgcccc tggcacggca gtgccagctg 1283

tacttcccct ctctcttg tc cccaggcaca gccttagggaa aaggatgcct ctctccaacc 1343

ctcctgtatg tacactgcag atactccat ttggacccgc tgtggccaca gcatggcccc 1403

tttagtcctc cgcggccgc caaggggcag caaggccacg ttccgtgcc acctccgtc 1463

tactcattgt tgcattgagcc ctgtctgcca gcccacccca gggactgggg gcagcaccag 1523

gtccgggga gagggattga gccaagaggt gaggtgcac gtcccttc ctgtcccagc 1583

tccccagcct ggcgttagagc acccctcccc tccccccac cccctggag tgctccctc 1643

tggggacatg cggagtgaaa gtcttatccc tgtgctgagc cctgagggca gagaggatgg 1703

catgtttcag gggaggggga agccttcctc tcaatttgtt gtcagtgaaa ttccaataaaa 1763

tgggatttgc tctctgcc 1781

<210> 43

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35

40

45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100

105

110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

115

120

125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln

130

135

140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala

145

150

155

160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala

165

170

175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val

180

185

190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu

195

200

205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser

210

215

220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr

225

230

235

240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly

245

250

255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly

260

265

270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala

275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr

290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn

305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu

325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly

340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala

355 360 365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu

370 375 380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Glu Asn

385 390

<210> 44

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 44

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298

Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu

70

75

80

cg_g gc_c tg_c gg_g ct_c aa_c tt_c gc_a ga_c ct_c at_g gct ag_g ca_g gg_g ct_g 346
 Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu
 85 90 95

ta_c ga_c cg_t ct_c cc_g cc_t ct_g cc_t gt_c ac_t cc_g gg_c at_g ga_g gg_c gc_g 394
 Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala
 100 105 110 115

gg_t gt_t gt_g at_c gc_a gt_g gg_c ga_g gg_a gt_c ag_c ga_c cg_c aag gc_a gg_a 442
 Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly
 120 125 130

ga_c cg_g gt_g at_g gt_g tt_g aa_c cg_g tc_a gg_g at_g tg_g ca_g ga_a ga_g gt_g 490
 Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val
 135 140 145

ac_t gt_g cc_c tc_g gt_c ca_g ac_c tt_c ct_g att cct ga_g gg_c at_g ac_c tt_t 538
 Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe
 150 155 160

ga_g ga_a gct gct gc_c tt_g ct_c gt_c aa_t ta_c att aca gc_c ta_c at_g gt_c 586
 Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val
 165 170 175

ct_c tt_t ga_c tt_c gg_c aa_c ct_a ca_g cc_t gg_c ca_c ag_c gt_c tt_g gt_a ca_c 634
 Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His
 180 185 190 195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682
 Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr
 200 205 210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730
 Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu
 215 220 225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778
 Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr
 230 235 240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826
 Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile
 245 250 255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874
 Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu
 260 265 270 275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922
 Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu
 280 285 290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970
 Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn
 295 300 305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310 315 320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325 330 335

ggc gtc gtc gtc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340 345 350 355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtc gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360 365 370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtc ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375 380 385

ggg cca gag aag gag aac tagggcaagt ggctgtgaga cccttagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Glu Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgtggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct ccctcccccg aagttctctg tggtgatgac cgctctcccc 1378

tgcccccctccc cgcttcctga cctctgaaga ggttgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaag gcgacaggga gggcagagg gagggccggct gtttcgtgcc cccaccctt 1498

ccccgggcct gctgtgtgc ttttgtcca aggttagcca gtcccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgtttca cctctgcctc atcttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ctttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttgaa ccagttccca 1738

atctcgctt ctgtcccaa cttcttaagc acaattggc ttcttccatc tccagggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaaagc ctccctgggaa ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcggt gtctgtgccaa tgtcccgctt ctatgggt tgaggagaaa ggcgggaaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggctgtgc 1978

gtctgtttct tgtactgggaa ccaaagtaaa aatccaagca cattccctt gcagtttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttac aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacatggg tggggagatg gagcagggaa gtacagagt ggtatggtcag gacctggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttccctggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattaggga gggttattgc cccaaccatt gcaatggag gtggagggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaatgagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgtttt tttgtacccc 2338

accacccat taccacagct gccttgcgt gtttgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 45

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35

40

45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100 105 110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

115 120 125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln

130 135 140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala

145 150 155 160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala

165 170 175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val

180 185 190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu

195 200 205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser

210 215 220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr

225 230 235 240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly

245 250 255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly

260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala

275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr

290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn

305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu

325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly

340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala

355 360 365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu

370 375 380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Gln Asn

385 390

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 46

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298
 Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu
 70 75 80

cg~~g~~ gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346
 Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu
 85 90 95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394
 Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala
 100 105 110 115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442
 Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly
 120 125 130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490
 Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val
 135 140 145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538
 Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe
 150 155 160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586
 Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val
 165 170 175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His
 180 185 190 195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682
 Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr
 200 205 210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730
 Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu
 215 220 225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778
 Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr
 230 235 240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826
 Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile
 245 250 255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874
 Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu
 260 265 270 275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922
 Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu
 280 285 290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970
 Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn

295

300

305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310

315

320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325

330

335

ggg gtt gtg gtc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340

345

350

355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtt gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360

365

370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtt ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag cag aac tagggcaagt ggctgtgaga cccttagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Gln Asn

390

cagcgaagg agaagtggg aagctacgtt ctgttgcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct ccctcccccg aagttctctg tggatgac cgctctcccc 1378

tgcccccctccc cgccctcgtga cctctgaaga ggttgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaag gcgcacaggga gggtcagagg gaggccggct gcttcctgcc cccaccctt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtCCA aggttagCCA gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgcttca cctctgcctc atcttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agtcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ctttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgctt ctgtcccaa cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggaaaa 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaaagc ctccctggga ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcggt gtctgtgccaa tgtcccgctt ctatgggttg tgaggagaaa ggcggggaaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcaagtgc 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattccccctt gcagtttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttatac aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacatggg tggggagatg gaggcaggaa gtacagagtgc ggatggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttccctgggtt gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattaggga gggttattgc cccaaaccatt gcaatgggag gtggagggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaatgagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgctt tgtgtacccc 2338

accacccat taccacagct gccttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 47

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Met Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly

1

5

10

15

Phe Gly Val Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys

20

25

30

Ala Leu Leu Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe

35

40

45

Val Ile Gly Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys

50

55

60

Met Lys Ala Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile

65

70

75

80

Gly Trp Pro Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu

85

90

95

Leu Phe Arg Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val

100

105

110

Pro Val Leu Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val

115

120

125

Asp Lys Val Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

130

135

<210> 48

<211> 2976

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110)..(523)

<400> 48

agacgtggcg gctctgcctt gggctgtttc ccggcttcat ttctccgac tcagcttccc 60

accctggct ttccgaggtg ctgtcgccgc tgtccccacc actgcagcc atg atc tcc 118

Met Ile Ser

1

tta acg gac acg cag aaa att gga atg gga tta aca gga ttt gga gtg 166

Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly Phe Gly Val

5	10	15
---	----	----

ttt ttc ctg ttc ttt gga atg att ctc ttt ttt gac aaa gca cta ctg 214

Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys Ala Leu Leu

20	25	30	35
----	----	----	----

gct att gga aat gtt tta ttt gta gcc ggc ttg gct ttt gta att ggt 262

Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe Val Ile Gly

40	45	50
----	----	----

tta gaa aga aca ttc aga ttc ttc ttc caa aaa cat aaa atg aaa gct 310

Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys Met Lys Ala

55	60	65
----	----	----

aca ggt ttt ttt ctg ggt gta ttt gta gtc ctt att ggt tgg cct 358

Thr Gly Phe Phe Leu Gly Val Phe Val Val Leu Ile Gly Trp Pro

70	75	80
----	----	----

ttg ata ggc atg atc ttc gaa att tat gga ttt ttt ctc ttg ttc agg 406

Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu Leu Phe Arg

85	90	95
----	----	----

ggc ttc ttt cct gtc gtt ggc ttt att aga aga gtg cca gtc ctt 454

Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val Pro Val Leu

100	105	110	115
-----	-----	-----	-----

gga tcc ctc cta aat tta cct gga att aga tca ttt gta gat aaa gtt 502

Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val Asp Lys Val

120

125

130

gga gaa agc aac aat atg gta taacaacaag tgaatttcaa gactcatat 553

Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

135

aaatattgtg ttatttataa agtcatttga agaatattca gcacaaaatt aaattacatg 613

aaatagcttg taatgttctt tacaggagtt taaaacgtat agcctacaaa gtaccagcag 673

caaattagca aagaagcagt gaaaacaggc ttctactcaa gtgaactaag aagaagtcag 733

caagcaaact gagagaggtg aaatccatgt taatgatgct taagaaactc ttgaaggcta 793

tttgttgttgt tttccacaa tgtgcgaaac tcagccatcc ttagagaact gtggtgccctg 853

tttctttct ttttattttg aaggctcagg agcatccata ggcatttgct ttttagaaat 913

gtccactgca atggcaaaaa tatttccagt tgcaactgtat ctctggaagt gatgcatgaa 973

ttcgatttggaa ttgtgtcatt ttaaagtatt aaaacccaagg aaaccccaat ttgtatgtat 1033

ggattacttt tttttgtaaa catggtaaaa ataaaaacttc tgtggttctt ctgaatctta 1093

atattcaaa gccaggtgaa aatctgaact agatattctt tggtgaaata tgcaaaggtc 1153

attcttact aacttttagt tactaaatta tagctaagtt ttgtcagcag catactccgg 1213

aaagtctcat acttcttggg agtctgccct cctaagtatc tgtctatatac attcattacg 1273

tgtaagtatt taacaaaaaa gcattcttga ccatgaatga agtagttgt ttcatacgctt 1333

gtctcattga atagtattat tgaagatact aaatgatgca aaccaaatgg atttttccca 1393

tgtcatgatg taattttct ttcttcttc tttttttaa attttagcag tggcttatta 1453

tttgttttc ataaattaaa ataacttttg ataatgtta cttaagaca tgtaacatgt 1513

taaaaggta aacttatggc tgttttaaa gggctattca tttaatctga gtttccctt 1573

atttcagct tttccttagc atataatagt cattaagcat gacatatcct tcataatgatc 1633

actcatcttg agttaattag aaaatacctg agttcacgtg ctaaagtcat ttcactgtaa 1693

taaactgact atggttctt aagaacatga cactaaaaaa aaagtggttt tttccaccg 1753

ttgctgatta ttagacagta ggaaatagct gtttcttta gtttacaag atgtgacagc 1813

tttagtggta gatgttaggga aacatttcaa cagccatagt actatttgtt ttaccactga 1873

ttgcactgtt ttgtttttt aacagttgca aagctttta atgcataaaa gtataattga 1933

aatctgtggt atttatttac aaacatgtct acaaaaatag attacagctt attttatttt 1993

tagttaaatc tcttaataca cagagaactc ccaatcttgc tcatactaaat aaggaaagac 2053

ttggtgtata gtgtgatggt ttagtcttaa ggattaagac atttttggta ctgcatttg 2113

acttacgatg tatctgtgaa aatgggatga tattgacaaa tggagactcc tacctaata 2173

gttaatggaa taataagagg ctactgttgt gtctaatgtt cttcaaaaaa gtaatatcct 2233

cacttggaga gtgtcaaata catacttga ggattgactt tatataaggt gccctgtaga 2293

actctgttac acatattttt gacccatatt atttacaatg tcttgataat tctacctttt 2353

tagagcaaga atagtatctg ctaatgtaag ggacatctgt atttaactcc tttagaca 2413

tgaatttcta tcaaaatgtt cttgcactg taacagagat tccttttc aataatctt 2473

attcaaaagc attattagac ttgaaagggt ttgataatct cccagtcctt agtaaagatt 2533

gagagaggct ggagcagttt tcagtttaa atgagtctgc agttaatatc aaatgtgagt 2593

ttgggactgc ctggcaacat ttatatttct tattcagaac ctttgatgag actatttta 2653

aacatactag tctgctgata gaaagcacta tacatcctat tgtttcttc ttccaaaat 2713

cagccttctg tctgtaacaa aaatgtactt tatagagatg gagaaaaagg tctaatacta 2773

catagcctta agtgttctg tcattgttca agtgttattt ctgtaacaga aacatattt 2833

gaatgtttt ctttccct tataaattgt aattcctgaa atactgctgc tttaaaaagt 2893

cccactgtca gattatatta tctaacaatt gaatattgta aatatacttgc tcttacctct 2953

caataaaagg gtactttctt att 2976

<210> 49

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe

1. 5 10 15

His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln

20 25 30

Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val

35 40 45

Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro

50 55 60

Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met

65 70 75 80

Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile

85 90 95

Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser

100 105 110

Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu

115 120 125

His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp

130 135 140

Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg

145 150 155 160

Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His

165 170 175

Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr

180 185 190

Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu

195 200 205

Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro

210 215 220

Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile

225 230 235 240

Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser

245 250 255

Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser

260 265 270

Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe

275 280 285

Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His

290 295 300

Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met

305 310 315 320

Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser

325 330 335

Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser

340 345 350

Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

355

<210> 50

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (327)..(1403)

<400> 50

cttcaaagca gtcagcaagg tggcaagttg caaaaagagct ttatcaaact gaaagtaatt 60

atgttaatat attggcaaca attattcagt tatttcaagt accattggaa gaggaaggac 120

aacgtggtgg accttatcctt gcaccagagg agattaagac tatttttgtt agcatccag 180

atatcttga tgtacacact aagataaagg atgatcttga agaccttata gttaattggg 240

atgagagcaa aagcattggt gacattttc tgaaatattc aaaagatttg gtaaaaacct 300

accctccctt tgtaaacttc tttgaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt 353

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys

1

5

gaa aaa cag aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca 401

Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala

10

15

20

25

aaa cca gaa tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca 449

Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro

30

35

40

gta cag agg tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag 497

Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys

45

50

55

cat aca gct gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att 545

His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile

60

65

70

gga tca ctg aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa 593

Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys

75

80

85

aca gaa gctcaa aag caa att ttt gat gtt tat gaa gta gat gga 641

Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly

90

95

100

105

tgc cca gct aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt 689

Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val

110

115

120

gaa aca att tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta 737

Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val

125

130

135

act ctc ttc ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac 785

Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His

140

145

150

aag gtt att ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca 833

Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro

155

160

165

gct tct ctt aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag 881

Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys

170

175

180

185

gta ttg gac ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg 929

Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu

190

195

200

ctt gtg agg cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag 977

Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln

205

210

215

atg aca tca gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt 1025

Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys

220

225

230

cga cat gta gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att 1073

Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile

235

240

245

tat act gct gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac 1121

Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp

250

255

260

265

agt aca ttg agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag 1169

Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys

270

275

280

gtt aca aga gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga 1217

Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg

285

290

295

agg gct ctt atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc 1265
 Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser
 300 305 310

agc aat gat aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta 1313
 Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Leu
 315 320 325

gca ggt atc cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa 1361
 Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu
 330 335 340 345

agg aga agt cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata 1403
 Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile
 350 355

tgaagcgta ccaaaatctt aaattataga aatgtataga cacctcatac tcaaataaga 1463

aactgactta aatggtactt gtaatttagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa 1523

cactaaacta tgctatttga ttttcttct tgaaagagta aggttacacct gttacatttt 1583

caagttaatt catgtaaaaa atgatagtga ttttcatgtat atttatctct ttttgaatc 1643

tgtcattcaa aggccaataa tttaagttgc tatcagctga tattatgtac ttgcaccc 1703

tgatagagta aataaatttt atggcggtt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata 1763

gtatccatga atgaatttat ggaaatagat atttgtcag ctcaatttat gcagagatta 1823

aatgacatca taatactgga tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt 1883

ttcacatgtg cagtttgaag tatttaaata accactcctt tcacagtttta ttttcttc 1943

aagcgtttc aagatctagc atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa 2003

catttaaagg agattgttc aaaatatttt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga 2063

gaaacattgt atatttgca aaaacaagat gttttagct gtttcagaga gagtacggta 2123

tatttatggt aattttatcc actagcaaat cttgatttag tttgatagtg tgtgaaattt 2183

tattttgaag gataagacca tggaaaattt gtggtaaaga ctgtttgtac cttcatgaa 2243

ataattctga agttgccatc agtttacta atcttctgtg aaatgcatac atatgcgcac 2303

gttcaacttt ttatttggt ctataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt 2363

caaagtgtga tatcttcac aatgccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt 2423

catatggata aatgcatttt tatttcctat ttctttaggg agtgctacaa atgtttgtca 2483

cttaaatttc aagtttctgt ttaatagtt aactgactat agattgttt ctatgccatc 2543

tatgtgccac ttctgagagt agtaaatgac tcttgctac attttaaaag caattgtatt 2603

agtaagaact ttgttaataa atacctaaaa ccc 2636

<210> 51

<211> 883

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu
 20 25 30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln
 35 40 45

Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu
 50 55 60

Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu
 65 70 75 80

Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val
 85 90 95

Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys
 100 105 110

Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln

115

120

125

Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser

130

135

140

Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu

145

150

155

160

Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg

165

170

175

Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln

180

185

190

Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys

195

200

205

Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe

210

215

220

Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe

225

230

235

240

Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr

245

250

255

Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu

260

265

270

Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys

275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu

290 295 300

Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met

305 310 315 320

Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser

325 330 335

Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu

340 345 350

Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe

355 360 365

Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser

370 375 380

Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp

385 390 395 400

Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro

405 410 415

Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr

420 425 430

Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln

435 440 445

Val Pro Leu Glu Glu Gly Gln Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro

450 455 460

Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val

465 470 475 480

His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp

485 490 495

Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu

500 505 510

Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu

515 520 525

Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu

530 535 540

Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu

545 550 555 560

Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu

565 570 575

Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr

580 585 590

Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn

595 600 605

Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val

610 615 620

Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser

625 630 635 640

Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp

645 650 655

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile

660 665 670

Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly

675 680 685

Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu

690 695 700

Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His

705 710 715 720

Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val

725 730 735

Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp

740

745

750

Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp

755

760

765

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn

770

775

780

Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys

785

790

795

800

Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro

805

810

815

Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu

820

825

830

Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser

835

840

845

Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu

850

855

860

Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr

865

870

875

880

His Leu Ile

<210> 52

<211> 3910

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (29)..(2677)

<400> 52

agagtgcgtga tttagaagaa tacaaatc atg gct gaa aat agt gta tta aca 52

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr

1 5

tcc act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct 100

Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser

10 15 20

aaa gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca 148

Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser

25 30 35 40

tat gta gaa gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt 196

Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val

45 50 55

caa gaa gct gga aaa caa gaa ctt aca aaa gcc tta aag gac att 244

Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile

60

65

70

aaa gtg ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg 292

Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu

75

80

85

gat tct ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat 340

Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp

90

95

100

tct gtc ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca 388

Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro

105

110

115

120

cca gtt gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca 436

Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser

125

130

135

tgt cgc ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt 484

Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe

140

145

150

act gga ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc 532

Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val

155

160

165

cat cac atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca 580

His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr

170

175

180

cat ttg gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg 628

His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val

185

190

195

200

agt cta ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg 676

Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp

205

210

215

gaa agg cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga 724

Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg

220

225

230

aat gaa ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att ttt agt ttc ctg 772

Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu

235

240

245

gga ttt tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg 820

Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met

250

255

260

caa gga ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt 868

Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu

265

270

275

280

gta gtt gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag 916

Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys

285

290

295

aaa ctt tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg 964
 Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met

300 305 310

gat gcc cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act 1012
 Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr

315 320 325

cct gag ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac 1060
 Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn

330 335 340

agc aat cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca 1108
 Ser Asn Arg Lys Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser
 345 350 355 360

aga gat aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct 1156
 Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala
 365 370 375

gag cat tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca 1204
 Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro
 380 385 390

gag tct agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct 1252
 Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser
 395 400 405

tct aaa agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa			1300
Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln			
410	415	420	
gtt gca aaa gag ctt tatcaa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg			1348
Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu			
425	430	435	440
gca aca att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa			1396
Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Gly Gln			
445	450	455	
cgt ggt gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt			1444
Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly			
460	465	470	
agc atc cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt			1492
Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu			
475	480	485	
gaa gac ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att			1540
Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile			
490	495	500	
ttt ctg aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta			1588
Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val			
505	510	515	520
aac ttc ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag			1636

Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln

525 530 535

aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa 1684

Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu

540 545 550

tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg 1732

Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg

555 560 565

tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct 1780

Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala

570 575 580

gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg 1828

Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu

585 590 595 600

aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct 1876

Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala

605 610 615

caa aag caa att ttt gat gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct 1924

Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala

620 625 630

aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att 1972

Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile

635

640

645

tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc 2020

Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe

650

655

660

ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att 2068

Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile

665

670

675

680

ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt 2116

Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu

685

690

695

aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac 2164

Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp

700

705

710

ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg 2212

Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg

715

720

725

cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca 2260

Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser

730

735

740

gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta 2308

Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val

745

750

755

760

gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct 2356

Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala

765

770

775

gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg 2404

Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu

780

785

790

agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga 2452

Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg

795

800

805

gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt 2500

Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu

810

815

820

atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat 2548

Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp

825 830 835 840

aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc 2596

Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile

845

850

855

cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt 2644

Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser

860

865

870

cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata tgaagcgta cccaaatctt 2697

His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

875

880

aaattataga aatgtataga cacctcatac tcaaataaga aactgactta aatggtactt 2757

gtaatttagca cttggtaaaa gctggaagga agataaataa cactaaacta tgctatttga 2817

ttttcttct tgaaagagta aggttaccc gttacattt caagttaatt catgtaaaaa 2877

atgatagtga ttttgatgta atttatctct tggtaatc tgtcattcaa aggccaataa 2937

ttaagttgc tatcagctga tattagtagc tttgcaaccc tggatagat aataaatttt 2997

atggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tattgtata gtatccatga atgaatttt 3057

ggaaatagat atttgtcag ctcaatttt gcagagatta aatgacatca taatactgga 3117

tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt ttcacatgtc cagtttgaag 3177

tattaaata accactcctt tcacagttt tttcttctc aagcgtttc aagatctagc 3237

atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa cattaaagg agattgttc 3297

aaaatatttt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga gaaacattgt atatttgca 3357

aaaacaagat gttttagct gttcagaga gagtacggta tatttaggt aattttatcc 3417

actagcaaat cttgatttag tttgatagtg tgtggattt tattttgaag gataagacca 3477

tggaaaatt gtggtaaaga ctgttgtac cttcatgaa ataattctga agttgccatc 3537

agtttacta atcttcgtg aaatgcata gatgcgcata gttcaacttt ttattgtgg 3597

cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgtt caaagtgtga tatcttcac 3657

aataggcttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt catatggata aatgcatttt 3717

tatttcctat ttcttaggg agtgctacaa atgttgtca cttaaatttc aagtttctgt 3777

ttaatagtt aactgactat agattgttt ctatgcata tattgtccac ttctgagagt 3837

agtaaatgac tcttgctac atttaaaag caattgtatt agtaagaact ttgtaaataa 3897

atacctaaaa ccc 3910

<210> 53

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Met Glu Gly Pro Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly

1

5

10

15

Pro His Pro Pro Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn

20

25

30

Lys Glu Leu Ala Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser

35 40 45

Ser Asn Cys Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg

50 55 60

Cys Lys Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys

65 70 75 80

Glu Asn Val Ser Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp

85 90 95

Leu Val Lys Phe Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly

100 105 110

Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His

115 120 125

Leu Pro Met Val Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu

130 135 140

Ile Asp Gly Glu Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln

145 150 155 160

His Met Pro Ile Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn

165 170 175

Met Thr Asp Val Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys

180

185

190

Val Ile Gly Pro Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser

195

200

205

Leu Asn Val Val Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala

210

215

220

Val Ala Ala Gly Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly

225

230

235

240

Ser Ser Leu Asp Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met

245

250

255

Ala Leu Gln Asn Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu

260

265

270

Ala Lys Met Arg Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln

275

280

285

Lys Cys Glu Leu Phe Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp

290

295

300

Ala Ile Gly Tyr Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys

305

310

315

320

Gly Cys Leu Leu Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg

325

330

335

Phe Leu Val Gly Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu

340 345 350

Leu Ser Ser Val Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe

355 360 365

Pro Asp Leu Ala Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile

370 375 380

Val Ala Phe Leu Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly

385 390 395 400

Phe Thr Lys Ala Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu

405 410 415

Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu

420 425 430

Ile Arg Lys Pro Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys

435 440 445

Val Ala Arg Tyr Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly

450 455 460

Phe Gly Asn His His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met

465 470 475 480

Val Cys Gly Trp Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His

485 490 495

Cys Ala Thr Thr Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln

500 505 510

Ile Val Ala Cys Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr

515 520 525

Phe His Phe Ser Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln

530 535 540

Ile Ala Phe Leu Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys

545 550 555 560

Gln Ser Lys His Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr

565 570 575

Asn Leu Gly Phe Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys

580 585 590

Phe Gly Leu Val Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr

595 600 605

Met Val Phe His Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

610 615 620

<210> 54

<211> 2426

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (104)..(1969)

<400> 54

gcgccagcag gaagtgggag aagaggcgac ccaaggcggg ctggcgggct ggcggcagtc 60

gctacttgcc tagtagcctc agccgctgtg ggctcctggg gag atg gag ggg ccg 115

Met Glu Gly Pro

1

ggg ctg ggc tcg cag tgc agg aat cac agc cat ggc ccc cac cct cca 163

Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly Pro His Pro Pro

5

10

15

20

gga ttt ggt cga tat ggc atc tgt gca cat gaa aac aaa gaa ctt gcc 211

Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn Lys Glu Leu Ala

25

30

35

aat gca aga gaa gct ctt cct ctt ata gag gac tct agt aac tgt gac 259

Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser Ser Asn Cys Asp

40

45

50

att gtc aaa gct act caa tac gga att ttt gaa cga tgt aaa gag ttg 307

Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg Cys Lys Glu Leu

55

60

65

gta gaa gca gga tat gat gtc agg caa cca gat aaa gaa aat gtg tcg 355
 Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Ser
 70 75 80

ctt ctt cat tgg gct att aac aac aga ctg gat ctt gta aag ttt 403
 Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp Leu Val Lys Phe
 85 90 95 100

tat att tca aaa ggt gct gtt gta gat cag ttg ggt gga gat tta aat 451
 Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn
 105 110 115

tca act cct ctt cac tgg gcc atc cga caa gga cat tta cct atg gtc 499
 Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His Leu Pro Met Val
 120 125 130

ata tta tta ctc cag cat ggt gca gac ccc act ctt att gat gga gag 547
 Ile Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu Ile Asp Gly Glu
 135 140 145

gga ttc agc agc atc cac ctg gca gta ttg ttt caa cac atg cct att 595
 Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln His Met Pro Ile
 150 155 160

ata gca tat ctc atc tca aag gga cag agt gtg aat atg aca gat gta 643
 Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn Met Thr Asp Val
 165 170 175 180

aat ggg cag aca cct ctc atg tta tca gct cac aaa gta att ggg cca 691

Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys Val Ile Gly Pro

185 190 195

gaa cca act gga ttt ctt tta aag ttt aat cct tct ctc aat gtg gtt 739

Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser Leu Asn Val Val

200 205 210

gat aaa ata cac caa aac act cca ctt cac tgg gca gtt gca gca gga 787

Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala Val Ala Ala Gly

215 220 225

aat gtt aat gca gtt gat aag ctt ttg gaa gct ggt tct agc ctg gat 835

Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly Ser Ser Leu Asp

230 235 240

atc cag aat gtt aag gga gaa aca cct ctt gat atg gct cta caa aac 883

Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met Ala Leu Gln Asn

245 250 255 260

aaa aat cag ctc att att cat atg cta aaa aca gaa gcc aaa atg aga 931

Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu Ala Lys Met Arg

265 270 275

gcc aac caa aag ttc aga ctt tgg agg tgg ctg cag aaa tgc gag ctc 979

Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln Lys Cys Glu Leu

280 285 290

ttc ctg ctg ctg atg ctt tct gtg att acc atg tgg gct att gga tac 1027

Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp Ala Ile Gly Tyr

295

300

305

ata ttg gac ttc aat tca gat tct tgg ctt tta aaa gga tgt ctt cta 1075

Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys Gly Cys Leu Leu

310

315

320

gta aca ctg ttt ttt ctg aca tct ttg ttt cca agg ttc ttg gtt ggg 1123

Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg Phe Leu Val Gly

325

330

335

340

tat aag aac ctt gta tac tta cca aca gcc ttt ctg cta agt tct gtt 1171

Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu Leu Ser Ser Val

345

350

355

ttt tgg ata ttt atg act tgg ttc atc tta ttt ttt cct gat tta gca 1219

Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe Pro Asp Leu Ala

360

365

370

gga gcc cct ttc tat ttc agt ttc att ttc agc ata gta gcc ttt cta 1267

Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile Val Ala Phe Leu

375

380

385

tac ttt ttc tat aag act tgg gca act gat cca ggc ttc act aag gct 1315

Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly Phe Thr Lys Ala

390

395

400

tct gaa gaa gaa aag aaa gtg aat atc atc acc ctt gca gaa act ggc 1363

Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Ala Glu Thr Gly

405

410

415

420

tct ctg gac ttc aga aca ttt tgt aca tca tgt ctt ata agg aag cca 1411

Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu Ile Arg Lys Pro

425

430

435

tta agg tca ctc cac tgc cat gta tgc aac tgc tgt gtg gct cga tat 1459

Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys Val Ala Arg Tyr

440

445

450

gat caa cac tgc ctg tgg act gga cgg tgc ata ggt ttt ggc aac cat 1507

Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly Phe Gly Asn His

455

460

465

cac tat tac ata ttc ttc ttg ttt ttc ctt tcc atg gta tgt ggc tgg 1555

His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Leu Ser Met Val Cys Gly Trp

470

475

480

att ata tat gga tct ttc atc tat ttg tcc agt cat tgt gcc aca aca 1603

Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His Cys Ala Thr Thr

485

490

495

500

ttc aaa gaa gat gga tta tgg act tac ctc aat cag att gtg gcc tgt 1651

Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln Ile Val Ala Cys

505

510

515

tcc cct tgg gtt tta tat atc ttg atg cta gca act ttc cat ttc tca 1699

Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr Phe His Phe Ser

520

525

530

tgg tca aca ttt tta tta aat caa ctc ttt cag att gcc ttt ctg 1747

Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln Ile Ala Phe Leu

535 540 545

ggc ctg acc tcc cat gag aga atc agc ctg cag aag cag agc aag cat 1795

Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys Gln Ser Lys His

550 555 560

atg aaa cag acg ttg tcc ctc agg aag aca cca tac aat ctt gga ttc 1843

Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr Asn Leu Gly Phe

565 570 575 580

atg cag aac ctg gca gat ttc ttt cag tgt ggc tgc ttt ggc ttg gtg 1891

Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys Phe Gly Leu Val

585 590 595

aag ccc tgt gtg gta gat tgg aca tca cag tac acc atg gtc ttt cac 1939

Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr Met Val Phe His

600 605 610

cca gcc agg gag aag gtt ctt cgc tca gta tgaagaaaag caacccaaaa 1989

Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

615 620

ctctcaatct gatttgttt tgtttatgtc gatgccctgt agtttcaaag tgaagtaaaag 2049

atttagaatt cacctaagtc caaaggaaaa cacgtggttt tttaagccat taggtaaaaaa 2109

aagttctcaa taaaggcatt acaatttttt aggttagaa agatggactt ttctgataaa 2169

tcttggcaga catctaaaaa aaaaaccata ttttcacaa gaaaatgcaa gttactttt 2229

ttggaaataa tactcactga ttatggataa aatggaatat ttcagatac tatattggct 2289

gtttcaaaat agtactattc tttaaacttg taattttgc taagttattt gtctttgttg 2349

tatctataaa tatgtaaaaa atattnaat agatgtacct gtttgctt cacacttaat 2409

aaaaaaatttt tttttgt 2426

<210> 55

<211> 257

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu Ile Met

1

5

10

15

Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly Cys Phe

20

25

30

Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg Lys Pro

35

40

45

Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala Val Leu

50

55

60

Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe Ala Leu
 65 70 75 80

Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr Ile Gly
 85 90 95

Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr Ser Arg
 100 105 110

Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly Ala Gly
 115 120 125

Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser Thr Gly
 130 135 140

Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser Leu Gln
 145 150 155 160

His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro Gly Gly
 165 170 175

Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu Ala Leu
 180 185 190

Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile Leu Ala
 195 200 205

Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val Ala Tyr

210

215

220

Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys Leu Leu

225

230

235

240

Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala Thr Asp

245

250

255

Gly

<210> 56

<211> 1520

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(780)

<400> 56

tttcccaag atg gcg tcg aag ata ggt tcg aga cgg tgg atg ttg cag ctg 51

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu

1

5

10

atc atg cag ttg ggt tcg gtg ctg ctc aca cgc tgc ccc ttt tgg ggc 99

Ile Met Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly

15

20

25

30

tgc ttc agc cag ctc atg ctg tac gct gag agg gct gag gca cgc cgg 147
 Cys Phe Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg

35 40 45

aag ccc gac atc cca gtg cct tac ctg tat ttc gac atg ggg gca gcc 195
 Lys Pro Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala

50 55 60

gtg ctg tgc gct agt ttc atg tcc ttt ggc gtg aag cgg cgc tgg ttc 243
 Val Leu Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe

65 70 75

gcg ctg ggg gcc gca ctc caa ttg gcc att agc acc tac gcc gcc tac 291
 Ala Leu Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr

80 85 90

atc ggg ggc tac gtc cac tac ggg gac tgg ctg aag gtc cgt atg tac 339
 Ile Gly Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr
 95 100 105 110

tcg cgc aca gtt gcc atc atc ggc ggc ttt ctt gtg ttg gcc agc ggt 387
 Ser Arg Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly
 115 120 125

gct ggg gag ctg tac cgc cgg aaa cct cgc agc cgc tcc ctg cag tcc 435
 Ala Gly Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser
 130 135 140

acc ggc cag gtg ttc ctg ggt atc tac ctc atc tgt gtg gcc tac tca 483
 Thr Gly Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser
 145 150 155

ctg cag cac agc aag gag gac cgg ctg gcg tat ctg aac cat ctc cca 531
 Leu Gln His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro
 160 165 170

gga ggg gag ctg atg atc cag ctg ttc ttc gtg ctg tat ggc atc ctg 579
 Gly Gly Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu
 175 180 185 190

gcc ctg gcc ttt ctg tca ggc tac tac gtg acc ctc gct gcc cag atc 627
 Ala Leu Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile
 195 200 205

ctg gct gta ctg ctg ccc cct gtc atg ctg ctc att gat ggc aat gtt 675
 Leu Ala Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val
 210 215 220

gct tac tgg cac aac acg cgg cgt gtt gag ttc tgg aac cag atg aag 723
 Ala Tyr Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys
 225 230 235

ctc ctt gga gag agt gtg ggc atc ttc gga act gct gtc atc ctg gcc 771
 Leu Leu Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala
 240 245 250

act gat ggc tgagtttat ggcaagaggc tgagatgggc acagggagcc 820

Thr Asp Gly

255

actgagggtc accctgcctt ctccttgct ggcccagctg ctgtttat 880

gtctgttgt ttgatcttt gcttttaa aatttttt tgcagttaaaggcagctca 940

tttgtccaaa ttctggct cagcgcttgg gagggcagga gccctggcac taatgctgta 1000

cagttttt tcctgttagg agagctgagg ccagctgcc actgagtc cttgtccctga 1060

gaagggagta tggcagggt gggatgcggc tactgagagt gggagagtgg gagacagagg 1120

aaggaagatg gagattggaa gtgagcaa at gtaaaaatt cctctttgaa cctggcagat 1180

gcagcttaggc tctgcagtgc tgtttgaga ctgtgagagg gagtgtgtgt gtgacacat 1240

gtggatcagg cccaggaagg gcacaggggc tgagcactac agaagtcaca tggttctca 1300

ggtatgcc a gggcagaaa cagtaccggc tctctgtcac tcacctttag agtagagcag 1360

accctgttct gctctggct gtgaaggggt ggagcaggca gtggccagct ttgcccttcc 1420

tgctgtctct gtttcttagct ccatggttgg cctgggtggg gtggagtcc ctccaaaca 1480

ccagaccaca cagtcctcca aaaataaaca ttttatata 1520

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp Ile Gln

1

5

10

15

Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys Asp Lys

20

25

30

Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln Val Glu

35

40

45

Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu Arg Phe

50

55

60

Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp Ser Ile

65

70

75

80

Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met Arg His

85

90

95

Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

100

105

<210> 58

<211> 1496

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (9)..(329)

<400> 58

ctaccagg atg gct ctc ttc gct ggt ggc aaa ctg cgt gtg cat ctc gac 50

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp

1

5

10

atc cag gtt ggg gag cat gcc aac aac tac cct gag att gct gca aaa 98

Ile Gln Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys

15

20

25

30

gat aag ctg acg gag cta cag ctc cgc gcc cgc cag ttg ctt gat cag 146

Asp Lys Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln

35

40

45

gtg gaa cag att cag aag gag cag gat tac caa agg tat cgt gaa gag 194

Val Glu Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu

50

55

60

cgc ttc cga ctg acg agc gag agc acc aac cag agg gtc cta tgg tgg 242

Arg Phe Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp

65

70

75

tcc att gct cag act gtc atc ctc atc ctc act ggc atc tgg cag atg 290

Ser Ile Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met

80

85

90

cgt cac ctc aag agc ttc ttt gag gcc aag aag ctg gtg tagtgcctc 339

Arg His Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

95

100

105

tttgtatgac ctttccttt tacctcattt atttggtaact ttccccacac agtcctttat 399

ccacctggat ttttagggaa aaaaaatgaa aaagaataag tcacatttgtt tccatggcca 459

caaaccattc agatcagcca cttgctgacc ctgggtctta aggacacatg acattagtcc 519

aatcttcaa aatcttgtct tagggcttgt gaggaaatcag aactaaccac ggactcagtc 579

ctgcttcctt tgcctcgagt gattttcctc tgttttcac taaataagca aatgaaaact 639

ctctccatta ccttctgctt tctcttgctc cacttacgca gtaggtgact ggcatgtgcc 699

acagagcagg ccctgcctca ctgtctgctg gtcagttctg gtttcactta atggctttgt 759

gaatgtaaat aaggggcagg tcttggccct agaggattga gatgttttc tatatcttag 819

aactatttt ggataaatta tatatttcc ttccttagtag aagtgttaact gcctgtaact 879

agctcaaaat accaatgcag tttctgcatt ctgggttttg ttttctttt tttttttttt 939

tttttgagt tttgctttg tcgcccaggg tggagtgc当地 tggcgtgatc tcagctact 999

ggcaacatct gcctccggg ttcaaattgtat tctcctgcct cagtctcctg agtagctggg 1059

attacaggtg cccgccacca cgctcagcta attttgtat ttttagtaga gatggggttt 1119

taccatgttg gccaggctgg tcttagactc ctgacacctag ttgatccacc tgccctcagcc 1179

tctgcattca gtttattcac atattttgg taactcccat ggcagctcct aggatttcag 1239

cggtctgtgg gccagaaaagc aggccaccagg gctgacacctca aggccgtatc agagggccaa 1299

gcagagttct tttggataacc tgctttcat cccacagggc ctttagagtca gaggttaaggt 1359

agcaacagag ctagaatggg gcaatgcact cttaccctcc ttctcaactt ttatthaagc 1419

tgtgctaaat gttttcttca agggAACCAAGG ATTTAGTTCT TTACAGAAATT TTCCAGTGAA 1479

ataaaacatg ttgtaat 1496

<210> 59

<211> 272

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly

1

5

10

15

Pro Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp

20

25

30

Val Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met

35

40

45

Met Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly

50

55

60

Ile Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln

65

70

75

80

Gly Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr

85

90

95

Glu Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr

100

105

110

Thr Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys

115

120

125

Val Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg

130

135

140

Glu Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu

145 150 155 160

His Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro

165

170

175

Ser Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val

180 185 190

Leu Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr

195 200 205

Tyr Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu

210 215 220

Met His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln

225 230 235 240

Tyr Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu

245 250 255

Arg Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu

260 265 270

<210> 60

<211> 1916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (117)..(932)

<400> 60

atggtaacgg ctcggaagcc taggaggctg ggccggaggg aggcggagga accgggtttc 60

gccggccgccc ctgcttcagc ttattccttg tggcctctgc gggtcctgcc tcagcc atg 119

Met

1

atg atc cac ggc ttc cag agc agc cac cggtt gat ttc tgc ttc ggg ccc 167

Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly Pro

5

10

15

tgg aag ctg acg gcg tcc aag acc cac atc atg aag tcg gcg gat gtg 215

Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp Val

20

25

30

gag aaa tta gcc gat gaa tta cat atg cca tct ctc cct gaa atg atg 263

Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met Met

35

40

45

ttt gga gac aac gtt tta aga atc cag cat ggg tct ggc ttt gga att 311

Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly Ile

50

55

60

65

gag ttc aat gct aca gat gcg tta aga tgt gta aac aac tac caa gga 359

Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln Gly

70

75

80

atg ctt aaa gtg gcc tgt gct gaa gag tgg caa gaa agc agg acg gag 407

Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr Glu

85

90

95

ggt gaa cac tcc aaa gag gtt att aaa cca tat gat tgg acc tat aca 455
 Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr Thr
 100 105 110

aca gat tat aag gga acc tta ctt gga gaa tct ctt aag tta aag gtt 503
 Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys Val
 115 120 125

gta cct aca aca gat cat ata gat aca gaa aaa ttg aaa gcc aga gaa 551
 Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg Glu
 130 135 140 145

cag att aag ttt ttt gaa gaa gtt ctc ctt ttt gag gat gaa ctt cat 599
 Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu His
 150 155 160

gat cat gga gtt tca agc ctg agt gtg aag att aga gta atg cct tct 647
 Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro Ser
 165 170 175

agc ttt ttc ctg ctg ttg cgg ttt ttc ttg aga att gat ggg gtg ctt 695
 Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val Leu
 180 185 190

atc aga atg aat gac acg aga ctt tac cat gag gct gac aag acc tac 743
 Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr Tyr
 195 200 205

atg tta cga gaa tat acg tca cga gaa agc aaa att tct agt ttg atg 791
 Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu Met
 210 215 220 225

cat gtt cca cct tcc ctc ttc acg gaa cct aat gaa ata tcc cag tat 839
 His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln Tyr
 230 235 240

tta cca ata aag gaa gca gtt tgt gag aag cta ata ttt cca gaa aga 887
 Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu Arg
 245 250 255

att gat cct aac cca gca gac tca caa aaa agt aca caa gtg gaa 932
 Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu
 260 265 270

taaaatgtga tacaacatat actcactatg gaatctgact ggacacccttg gctatttgta 992

aggggttatt tttattatga gaattaattg ctttgttat gtacagattt tctgttagcct 1052

taaaggaaaa aaaaataaag atcggtacag gcagggttca ctcaactgct atttgtactg 1112

tctgtttca cattcatatt ccagatttat attttctgga gttaaatttg gatgatttct 1172

aaattatcac aaagtggac ctcagcagta gtgatgtgtg tgtctcatga gcagtgagca 1232

cagtctgcat tcatcatgaa acactatctt ctaccaggag gaggttaatg taaatcacca 1292

aatcccaatg ctttgact ttcataggat tcctgatcat gcatgttgat gtactggctc 1352

ttcactttgg gctttctgat gtttattcac acctttggag agttgcaact tgccacatac 1412

gaaatttagtc tcatagtgta gtgaacttca accccaaaat ttaaaaaatg tatttcccc 1472

cagtttaaa ttgccttgta aatttaaaaa aaaaaattt aacttagtac cagaacccaa 1532

aatacctaga ttttggaga acttattaca tacatagaaa catgaatatg gttaccwct 1592

gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtatacag acttttttt ttaacttgtt gattcagatg 1652

tcttggtccc tgaatagtcc tagattaccc attttgagaa ttgattgtt aaaaattacag 1712

ggaatttaaaa taattgcctt ttttttttta gagggtaaga gatgggtaga agagtatgcc 1772

tctgaaaatt ttatttagttt attcttgtgg agaataccaa gaaaatgtgt atttgcccat 1832

tgctaaatat gatatatgcc attttgtatt tatttgtccc aagtgtctt ttttaagagg 1892

agaataaaaca ataaggaaatt actg 1916

<210> 61

<211> 219

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Asn Arg Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser

1

5

10

15

Leu Thr Asp Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp

20

25

30

Lys Lys Ile Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln

35

40

45

Ile Lys Lys Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys

50

55

60

Ala Leu Arg Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp

65

70

75

80

Asn Leu Ala Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile

85

90

95

Gln Ser Leu Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly

100

105

110

Val Lys Glu Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile

115

120

125

Glu Asp Leu Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu

130

135

140

Ile Gln Glu Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu

145

150

155

160

Asp Asp Leu Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala

165 170 175

Asp Glu Asp Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile

180 185 190

Pro Glu Gly Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val

195 200 205

Asp Glu Phe Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser

210 215

<210> 62

<211> 1362

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(705)

<400> 62

gttttctgggt tttgctctag tgtttgggtt tcttcgcggc tgctcaag atg aac cga 57

Met Asn Arg

1

ctc ttc ggg aaa gcg aaa ccc aag gct ccg ccg ccc agc ctg act gac 105

Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser Leu Thr Asp

5	10	15
---	----	----

tgc att ggc acg gtg gac agt aga gca gaa tcc att gac aag aag att	153
---	-----

Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp Lys Lys Ile	
---	--

20	25	30	35
----	----	----	----

tct cga ttg gat gct gag cta gtg aag tat aag gat cag atc aag aag	201
---	-----

Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln Ile Lys Lys	
---	--

40	45	50
----	----	----

atg aga gag ggt cct gca aag aat atg gtc aag cag aaa gcc ttg cga	249
---	-----

Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys Ala Leu Arg	
---	--

55	60	65
----	----	----

gtt tta aag caa aag agg atg tat gag cag cag cggt gac aat ctt gcc	297
--	-----

Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp Asn Leu Ala	
---	--

70	75	80
----	----	----

caa cag tca ttc aac atg gaa caa gcc aat tat acc atc cag tct ttg	345
---	-----

Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile Gln Ser Leu	
---	--

85	90	95
----	----	----

aag gac acc aag acc acg gtt gat gct atg aaa ctg gga gta aag gaa	393
---	-----

Lys Asp Thr Lys Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly Val Lys Glu	
---	--

100	105	110	115
-----	-----	-----	-----

atg aag aag gca tac aag caa gtg aag atc gac cag att gag gat tta	441
---	-----

Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile Glu Asp Leu	
---	--

120	125	130
-----	-----	-----

caa gac cag cta gag gat atg atg gaa gat gca aat gaa atc caa gaa 489

Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu Ile Gln Glu

135

140

145

gca ctg agt cgc agt tat ggc acc cca gaa ctg gat gaa gat gat tta 537

Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu Asp Asp Leu

150

155

160

gaa gca gag ttg gat gca cta ggt gat gag ctt ctg gct gat gaa gac 585

Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala Asp Glu Asp

165

170

175

agt tct tat ttg gat gag gca gca tct gca cct gca att cca gaa ggt 633

Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile Pro Glu Gly

180

185

190

195

gtt ccc act gat aca aaa aac aag gat gga gtt ctg gtg gat gaa ttt 681

Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val Asp Glu Phe

200

205

210

gga ttg cca cag atc cct gct tca tagatttgca tcattcaagc atatcttgta 735

Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser

215

aaacaaacac atattatggg actaggaaat atttatctt ccaaatttgc cataacagat 795

ttaggtttct ttcctttctt tgaaggaaag tttaattaca ttgctctttt atttttcca 855

ttaagagact cattgcttgg gaaatgcttt cttcgacta aaatttgatt ccttttttt 915

cttatgaaaa acgaactcag tttaaaagta ttttagctc gtatgacttg ttttcattca 975

ttaataataa tttgaaataa aactaaggaa atggaatctt aaaagtctat gacagtgtaa 1035

ctctacagtc tcaaaatgac ctgataaatt gataagacaa agatgagatt attggggctg 1095

ttcatattat gattcagaat catttctat tgtggtatta taggttggtt aaagtgtatgg 1155

ccttttgat gggtttggtt gtgtcttgcg aacaagtcgt tactgtgtcc attattggaa 1215

tggaattatc actactgtat catgagtggg tatttgatt ctatggtcc ctcagtatttta 1275

catcttgcgt tgtaatcaat tatgaatatt tcttgatatt taatgtatag gacattttt 1335

tatactcaat aaatattttt caaaaagg 1362

<210> 63

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro

1

5

10

15

Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly

特2001-088912

20

25

30

Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr

35

40

45

Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg

50

55

60

Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn

65

70

75

80

Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val

85

90

95

Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp

100

105

110

Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser

115

120

125

Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp

130

135

140

Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr

145

150

155

160

Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met

165

170

175

Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His

180 185 190

Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn

195 200 205

Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu

210 215 220

Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn

225 230 235 240

Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys

245 250 255

Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln

260 265 270

Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp

275 280 285

Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile

290 295 300

Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile

305 310 315 320

Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser

325 330 335

Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile

340 345 350

Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe

355 360 365

Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn

370 375 380

Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro

385 390 395 400

Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu

405 410 415

Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys

420 425 430

Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg

435 440 445

Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val

450 455 460

Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu

465 470 475 480

Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu

485

490

495

His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr

500

505

510

Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser

515

520

525

Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr

530

535

540

Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg

545 550 555 560

Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe

565

570

575

Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys

580

585

590

Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr

595

600

605

Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val

610

615

620

<210> 64

<211> 2948

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(1879)

<400> 64

attnaacacc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat acc gaa gcg 49

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala

1 5 10

ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc caa agc cat 97

Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His

15 20 25

tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act cat att gat 145

Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp

30 35 40

gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat gga ata tat 193

Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr

45 50 55 60

gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta cgg caa ccg 241

Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro

65 70 75

gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc aat aac aga 289

Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg

80

85

90

ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att gtg gat caa 337

Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln

95

100

105

ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc aca aga caa 385

Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln

110

115

120

ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt gca gat cct 433

Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro

125

130

135

140

tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg gct gct cag 481

Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln

145

150

155

ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa gga cag gat 529

Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp

160

165

170

gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg tgg gca gca 577

Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala

175

180

185

tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta aca ttc aat 625

Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn

190

195

200

gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act gct ctg cat 673

Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His

205

210

215

220

tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt ctt ctg gaa 721

Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Glu

225

230

235

gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa tca gcg ctt 769

Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu

240

245

250

gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac cac tta caa 817

Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln

255

260

265

gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc ctt aga aag 865

Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys

270

275

280

ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta gga act cct 913

Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro

285

290

295

300

ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta aat att gat 961

Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp

305

310

315

tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg gct aca gta 1009
 Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val

320 325 330

cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat agt gca ttg 1057
 Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu

335 340 345

ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat gtg acg tgg 1105
 Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp

350 355 360

ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc cat ctt cca 1153
 Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro

365 370 375 380

ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga aaa tct tgg 1201
 Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp

385 390 395

aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa aag aaa aag 1249
 Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys

400 405 410

aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc agt ata ttc 1297
 Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe

415 420 425

tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa cat tgt ggt 1345
 Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly
 430 435 440

gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc cca tgg gtg 1393
 Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val
 445 450 455 460

ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg ggc tac cta 1441
 Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu
 465 470 475

ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt tgt ata tct 1489
 Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser
 480 485 490

tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat gga ttt tgg 1537
 Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp
 495 500 505

aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg ttt tgg atg 1585
 Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met
 510 515 520

ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta tta ctc atg 1633
 Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met
 525 530 535 540

tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca aat gaa aga 1681

Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg

545 550 555

atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca acg tct att 1729

Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile

560 565 570

gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata gac ttc ttt 1777

Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe

575 580 585

gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg gac tgg acc 1825

Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr

590 595 600

agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct ggg tac cag 1873

Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln

605 610 615 620

ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattt ctgagtggtg cctgaaaatt 1929

Leu Val

gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga gcatgctatg 1989

tgttagggcta atggtaatt ttacagtctt ttttcaaca cttttattaa caaaagtaaa 2049

catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa taattttaat 2109

ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caactttgg gttttgtct cacagtattt 2169

ttcacaaaaa aaggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat cagaaatgtt 2229

cagtttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc agtctagtac 2289

gagtattgca tctaattcca ggagcattgt tttaagttga ttgactagtt attatgtaca 2349

tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattggatc tactgtgatg 2409

ttgtttcaa aggaggaga aaataatgtt cacaataaaa tgtgctaaca atgtttgtt 2469

tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt cttagttcagt gaaataattt gtagtaacct 2529

tactctgagg ttttacggc tgataatgaa gcacttgcat gagtatacgta agtcatgtt 2589

ttttttcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa tgtatactag 2649

cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa acagttccat 2709

tttaagggt taagggtgta tttcaagaa aaggcagaac aaataatgca aaattctcag 2769

taatagtgat acatggatat acttccttt aaattctcag ctgcaaaata attgttagaca 2829

aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctgtgt acatagcaca tgtgaataaa 2889

agaaaagctg acagtatatt ctggttcaa taaaatgacc tatcagaaag tagaatttc 2948

<211> 632

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Gln Arg Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp
 1 5 10 15

Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu
 20 25 30

Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly
 35 40 45

Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala
 50 55 60

Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly
 65 70 75 80

Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp
 85 90 95

Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys
 100 105 110

Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu
 115 120 125

His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met

130 135 140

Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys

145 150 155 160

Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu

165 170 175

Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr

180 185 190

Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg

195 200 205

Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His

210 215 220

Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val

225 230 235 240

Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile

245 250 255

Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp

260 265 270

Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn

275 280 285

Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys

290 295 300

Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile

305 310 315 320

Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly

325 330 335

Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His

340 345 350

Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe

355 360 365

Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe

370 375 380

Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr

385 390 395 400

Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr

405 410 415

Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser

420 425 430

Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val

435

440

445

Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp

450

455

460

His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg

465

470

475

480

Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met

485

490

495

Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr

500

505

510

Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser

515

520

525

Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp

530

535

540

Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly

545

550

555

560

Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys

565

570

575

Val Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg

580

585

590

特2001-088912

Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro

595

600

605

Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile

610

615

620

Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val

625

630

<210> 66

<211> 4715

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (108)..(2003)

<400> 66

gaagaaggag gaggaggccc gcgtcgccctc cggcggggct cgcgctcgcc ccgcgcgtcgc 60

cctccgcctc gcccgagccc cgggagggtg aaacgcttcc tcccagc atg cag cgg 116

Met Gln Arg

1

gag gag gga ttt aac acc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat 164

Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp

5

10

15

acc gaa gcg ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc 212
 Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro
 20 25 30 35

caa agc cat tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act 260
 Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr
 40 45 50

cat att gat gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat 308
 His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr
 55 60 65

gga ata tat gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta 356
 Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val
 70 75 80

cgg caa ccg gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc 404
 Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile
 85 90 95

aat aac aga ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att 452
 Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile
 100 105 110 115

gtg gat caa ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc 500
 Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala
 120 125 130

aca aga caa ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt 548
 Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly
 135 140 145

gca gat cct tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg 596
 Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu
 150 155 160

gct gct cag ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa 644
 Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys
 165 170 175

gga cag gat gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg 692
 Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met
 180 185 190 195

tgg gca gca tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta 740
 Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu
 200 205 210

aca ttc aat gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act 788
 Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr
 215 220 225

gct ctg cat tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt 836
 Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu
 230 235 240

ctt ctg gaa gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa 884

Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu

245 250 255

tca gcg ctt gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac 932

Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn

260 265 270 275

cac tta caa gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc 980

His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe

280 285 290

ctt aga aag ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta 1028

Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu

295 300 305

gga act cct ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta 1076

Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu

310 315 320

aat att gat tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg 1124

Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Val Trp

325 330 335

gct aca gta cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat 1172

Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His

340 345 350 355

agt gca ttg ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat 1220

Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr

360 365 370

gtg acg tgg ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc 1268

Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile

375 380 385

cat ctt cca ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga 1316

His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly

390 395 400

aaa tct tgg aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa 1364

Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln

405 410 415

aag aaa aag aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc 1412

Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu

420 425 430 435

agt ata ttc tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa 1460

Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys

440 445 450

cat tgt ggt gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc 1508

His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys

455 460 465

cca tgg gtg ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg 1556

Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met

470 475 480

ggc tac cta ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt 1604

Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly

485 490

495

tgt ata tct tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat 1652

Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp

500 505 510 515

gga ttt tgg aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg 1700

Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met

520 525 530

ttt tgg atg ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta 1748

Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val

535 540 545

tta ctc atg tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca 1796

Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr

550 555 560

aat gaa aga atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca 1844

Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr

565 570 575

acg tct att gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata 1892

Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile

580 585 590 595

gac ttc ttt gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg 1940

Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val

600

605

610

gac tgg acc agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct 1988

Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser

615

620

625

ggg tac cag ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggt 2043

Gly Tyr Gln Leu Val

630

cctgaaaatt gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga 2103

gcatgctatg tgttagggcta atggtaattt ttacagtctt ttttcaaca cttttattaa 2163

caaaaatggataaa catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa 2223

taattttaat ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caactttgg gttttgttct 2283

cacagtattt ttcacaaaaa aagggttaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat 2343

cagaaatgtt cagtttaac taactaaa ttatgttat ttggctaaat gttatgatgc 2403

agtctagtagtac gagtattgca tctaattcca ggaggattgt tttaagttga ttgacttagtt 2463

attatgtaca tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattggatc 2523

tactgtgatg ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatgtt cacaataaaa tgtgctaaca 2583

atgtttgtt tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt 2643

gtagtaacct tactctgagg tttacggtc tgataatgaa gcacttgcatt gagtatagta 2703

agtcatgttt ttttgtcaa atttaaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa 2763

tgtatactag cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa 2823

acagttccat tttaagggt taaggtggta tttcaagaa aaggcagaac aaataatgca 2883

aaattctcag taatagtgtat acatggatat acttccttt aaattctcag ctgcaaaata 2943

attgttagaca aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctaagt acatagcaca 3003

tgtgaataaaa agaaaagctg acagtatattt ctggttcaa taaaatgacc tatcagaaaag 3063

tagaatttca tccccaaagag tatttcagtt tatccaatat tgagtaagtt ctgaaacagt 3123

tttagaaaaaa attttcttt tggtaatgt gatgcactga tcaatttttgc acacagcatt 3183

ttcacacattt catgggtggac tactagtcac tgcttcata aatatttttgc acagggtgag 3243

atttggttta ttcatcttaa gtgctgttagc aaactgtggc tcgagcaacc tggggaaat 3303

ctgtgagagg gaatgggtg ggagatgtgg ggaaatggc gtcagactga tgacagatcc 3363

tagaccaatg taaagaatgt gtatctgtat ataaataatt tatcaaatacg tttctttt 3423

gtgtctgtgt tagtgtttt aaagctgctc atttcatttt gtccaaaccaa aaagaaaaagg 3483

gagataacta atgagcttct agtgatgtc aaaattgctg ttaataggca ttataccctg 3543

caagttcaact gcatgtctga tgcttggtaa aactagtctt ccctgtaaaa tgcagattac 3603

aggattaaaa gcaatctagt ggtatacccg ccccttgcct tagtaagagg agcagtgaaa 3663

tgtatatagt tgatgttcag tatttccaag taccattttt atatagtagc ttatttgacc 3723

ataagtcaca catcaaaaaa agattaccct tagtgtatgt gtttaatat tagaaaattg 3783

gcatatgtac tttatTTTg aaaagggaaag agatgggtgt ggggtggcaa tagcattgtg 3843

ccatTTgtc atagaatgt aaaaattgggt aactttacaa atgtcagcta gtttgacta 3903

ctaattgggg gaaatttttag ataattttta aattcaaagt tatttataaa atgctagaat 3963

ttgttttaat tttttgtatt ttgagccact tcacatgaag actcagttgc atttttatcg 4023

aatacatttt tatcaacagt taaagactat ggtggTTTT tcagagTTTg gctaagaatg 4083

ttgttaccat cttcttggtt tgtggtaaca tattttcagt gcaaaagaga tgtcattcag 4143

ttaaaaagac aaacctctag atgtgttaatt acatggaaaa tactagcaat gtgaatgctt 4203

ttgttagtaac catcttggtag tacctgtgaa atctataact cagaaatggc cagatggtca 4263

ggagccagct atgcagcagt ataccatctg ttaattttt ttgttaggtcc tgtgtgtgga 4323

accaactata aacccagttc taaagttgtg tatgatggtg aaccttggg aatagttctt 4383

atcaacttaa ttggatactt ttagcaaata ggaacttaat tctcagcact gaacatgaat 4443

tacttccttg gagtttttt tcattcatat ttttgttgc tccaggaatt tatttgat 4503

taatggcgtaaaaacagcat cattgtactt aagctatgga tggttttattt ttatatttc 4563

tttatttata actgtgccaa gtattattt gctacttacc gtgttattct gtggaaagaa 4623

aaacctgtaa agtgttaat aaatttagccc tccttacata aattaaatgt caaaattttg 4683

taaaatatta atcagaataa atactgactc tt 4715

<210> 67

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1

5

10

15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20

25

30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35

40

45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50

55

60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65

70

75

80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85

90

95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100

105

110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115

120

125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130

135

140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145

150

155

160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165

170

175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180

185

190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln

195 200 205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn

210 215 220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile

225 230 235 240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala

245 250 255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val

260 265 270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr

275 280 285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro

290 295 300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu

305 310 315 320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu

325 330 335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu

340 345 350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr

355 360 365

Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr

370 375 380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser

385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser

405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe

420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu

435 440 445

Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln

450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp

465 470 475 480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe

485 490 495

Ser Cys

<210> 68

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 68

gaaggaggg a atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51
 Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro
 1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99
 His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His
 15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147
 Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile
 30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195
 Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val
 45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243
 His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly
 60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291
 Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu
 75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339
 Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro
 95 100 105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387
 Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg
 110 115 120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435
 Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Glu Thr Glu
 125 130 135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483
 His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly
 140 145 150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531
 Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn
 155 160 165 170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579

Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln

175 180 185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627

Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val

190 195 200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675

Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val

205 210 215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723

Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro

220 225 230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771

Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu

235 240 245 250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819

Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala

255 260 265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867

Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys

270 275 280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915

Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp

285

290

295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963

Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro

300

305

310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu

315

320

325

330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059

Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly

335

340

345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107

Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350

355

360

cac acc ctg aac agc acg atg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155

His Thr Leu Asn Ser Thr Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser

365

370

375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203

Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly

380

385

390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251

Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp

395

400

405

410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299

Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415

420

425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347

Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cct gaa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443

Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460

465

470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agttttgtt ttttccttg aatttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt cttttagtata tttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt ctttatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc ttgttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagatttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggctttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattctt tctgatcctg 1845

attccttagg agttggttt tttttttta agcataaat aaatthaatt gcatcag 1902

<210> 69

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1

5

10

15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20

25

30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35

40

45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50

55

60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65

70

75

80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85 90 95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100 105 110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115 120 125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130 135 140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145 150 155 160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165 170 175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180 185 190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln

195 200 205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn

210 215 220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile

225

230

235

240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala

245

250

255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val

260

265

270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr

275

280

285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro

290

295

300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu

305

310

315

320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu

325

330

335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu

340

345

350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr

355

360

365

Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr

370

375

380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser
 385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser
 405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe
 420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu
 435 440 445

Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln
 450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp
 465 470 475 480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe
 485 490 495

Ser Cys

<210> 70

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 70

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51
 Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro
 1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99
 His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His
 15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147
 Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile
 30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195
 Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val
 45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243
 His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly
 60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291
 Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu
 75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339
 Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro

95 100 105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387
 Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg

110 115 120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435
 Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu

125 130 135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483
 His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly

140 145 150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531
 Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn
 155 160 165 170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579
 Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln
 175 180 185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627
 Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val
 190 195 200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675
 Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val
 205 210 215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723
 Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro
 220 225 230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771
 Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu
 235 240 245 250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819
 Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala
 255 260 265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867
 Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys
 270 275 280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915
 Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp
 285 290 295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963
 Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro
 300 305 310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu

315

320

325

330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059

Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly

335

340

345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107

Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350

355

360

cac acc ctg aac agc acg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155

His Thr Leu Asn Ser Thr Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser

365

370

375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203

Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly

380

385

390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251

Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp

395

400

405

410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299

Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415

420

425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347

Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cat caa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443

Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460

465

470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agttttgtt ttttccttt aatttttat 1605

attctttctt tctcttttt gtttcttctt ctttgagtat tttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc ttgttttgt 1725

cactctaaag aaattttgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggctttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattctt tctgatcctg 1845

atttcctagg agttggttt tttttttta aagcataaat aaatthaatt gcatcag 1902

<210> 71

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser Met His

1

5

10

15

Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser Met Thr

20

25

30

Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile Leu Thr

35

40

45

Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His Arg Pro

50

55

60

Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg Leu Gly

65

70

75

80

Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser Pro Pro

85

90

95

Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile Ala Asp

100

105

110

Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe Ser Tyr

115 120 125

Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys Val Ala

130 135 140

Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu Ala Glu

145 150 155 160

Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn Gly Lys

165 170 175

Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile Glu Gly

180 185 190

Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly Thr Val

195 200 205

Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile Val Arg

210 215 220

Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val Leu Gly

225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Arg

245

<210> 72

<211> 1551

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (127)..(861)

<400> 72

ggaagtcggc cacttcctc cgtcccgccc gtttagccccag ccaagccccag ccaagccccag 60

ccaagccccg ccgatcgccg gcacccggagc cagccccgca gcgggtccccg cctgtctgtc 120

acgctg atg ccc gtg cag ctg tct gag cac ccg gaa tgg aat gag tct 168

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser

1 5 10

atg cac tcc ctc cgg atc agt gtg ggg ggc ctt cct gtg ctg gcg tcc 216

Met His Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser

15 20 25 30

atg acc aag gcc gcg gac ccc cgc ttc cgc ccc cgc tgg aag gtg atc 264

Met Thr Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile

35 40 45

ctg acg ttc ttt gtg ggt gct gcc atc ctc tgg ctg ctc tgc tcc cac 312

Leu Thr Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His

50 55 60

cgc ccg gcc ccc ggc agg ccc ccc acc cac aat gca cac aac tgg agg 360
 Arg Pro Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg
 65 70 75

ctc ggc cag gcg ccc gcc aac tgg tac aat gac acc tac ccc ctg tct 408
 Leu Gly Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser
 80 85 90

ccc cca caa agg aca ccg gct ggg att cggtat cga atc gca gtt atc 456
 Pro Pro Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile
 95 100 105 110

gca gac ctg gac aca gag tca agg gcc caa gag gaa aac acc tgg ttc 504
 Ala Asp Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe
 115 120 125

agt tac ctg aaa aag ggc tac ctg acc ctg tca gac agt ggg gac aag 552
 Ser Tyr Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys
 130 135 140

gtg gcc gtg gaa tgg gac aaa gac cat ggg gtc ctg gag tcc cac ctg 600
 Val Ala Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu
 145 150 155

gcg gag aag ggg aga ggc atg gag cta tcc gac ctg att gtt ttc aat 648
 Ala Glu Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn
 160 165 170

ggg aaa ctc tac tcc gtg gat gac cgg acg ggg gtc gtc tac cag atc 696

Gly Lys Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile

175

180

185

190

gaa ggc agc aaa gcc gtg ccc tgg gtg att ctg tcc gac ggc gac ggc 744

Glu Gly Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly

195

200

205

acc gtg gag aaa ggc ttc aag gcc gaa tgg ctg gca gtg cgg gag att 792

Thr Val Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile

210

215

220

gta agg aag cgg tgg cgg ctg gtg aag caa gtc tca cat gtc ggc gtt 840

Val Arg Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val

225

230

235

ctt ggc caa tgg ata caa aga taaaagaaaaat gttgcctttt tcttaggaact 891

Leu Gly Gln Trp Ile Gln Arg

240

245

gtcagaaaatc ctcatgcctt tcaagacttc tgtgaatgac ttgaattttt tattccctgc 951

ctagggtctg tgaacgaggc ctgtctcttc cctggggttt cttccatgg cctttatttc 1011

tcctttcca gtgggagttt tgcaggctct tctctgtgga aacttcacga gcgttggctg 1071

ggcctcggt tcgctggagt gtactccagg gtgaaggcag agtgggattt gagacccagg 1131

tagtgagga agcgaaggaa gtgaacgctg aatgtgacgc atttctgaag agctcagctg 1191

tcaccggca tagcctggaa gccccaaagtc ttttctgact ttgcctggct gtctccttga 1251

ccgcctcct agatcattgt ctttgatgtc caggctgggt catttaaat agagatgcaa 1311

ttaggaaggt tggggactt gggactgtgg ctgaatttag accttgctga tgtattcatg 1371

tcagcacctg agtcacagcc caggtgcccg gaagcagcct cttcgcatag gcagtgattt 1431

gcgattaccc taaagctcac ctttttctt cccctctctg ttgcgtctg tcagcataat 1491

gattgtgttc cttccctatg ggatccatct gtttgtaaa caataaagcg tctgagggag 1551

<210> 73

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100

105

110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His

145

150

155

160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly

165

170

175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly

180

185

190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val

195

200

205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln

210 215 220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp

225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe

245 250 255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu

260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser

275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val

290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val

305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys

325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser

340 345 350

<210> 74

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 74

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtgcg gccaccgggg ctcggccggc tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40

45

50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Val Pro Tyr Ala Val Ile

55

60

65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354

Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val

70

75

80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402

Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys

85

90

95

100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450

Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile

105

110

115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498

Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu

120

125

130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546

Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val

135

140

145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594

Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165

170

175

180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690
 Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr
 185 190 195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738
 Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro
 200 205 210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag/gac ttc gac agc 786
 Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser
 215 220 225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834
 Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala
 230 235 240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882
 Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg
 245 250 255 260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgcc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930
 Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln
 265 270 275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978
 Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro
 280 285 290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026
 Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser
 295 300 305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074
 Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr
 310 315 320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122
 Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg
 325 330 335 340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ccg tac aac aac agc taatagttt 1168
 Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser
 345 350

gaagccgcac agcttgacct ggaaggcaccc ctgccccctt ttcagggatt tttatctcg 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tgttttttc tggtaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agctttctt cttttcctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcaggtaa cttgtgttcc 1708

tttcccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgttagagga caaaagaaag 1768

tgaagtca ccatccgc ttgtccagat ggtcgcccccc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctgg ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctgg tttccctc ggagaatgag 1948

gcgcagaggg ctcgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctctt gggctccctc atccagcccc tcgcagctt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcctctcc ttgtgttacc ccctcccagt attaccattt gcccctcacc tgcccttgg 2188

gagccttta gtgcaagaca gatggggctg tttccccca cctctgagta gttggaggta 2248

acatacacag ctctttttt attgccttt tctgcctctg aatgttcatc tctcgccctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgcctca gggccgaca ctagtgtat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 75

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100

105

110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His

145

150

155

160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly

165

170

175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly

180

185

190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val

195

200

205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln

210

215

220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp

225

230

235

240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe

245

250

255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu

260

265

270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser

275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val

290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val

305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys

325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

340 345 350

<210> 76

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 76

ttaggccggg ggggtgcgtt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtgcg gccaccgggg ctcggccggc tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40

45

50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile

55

60

65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354

Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val

70

75

80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402

Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys

85

90

95

100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450

Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile

105

110

115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498

Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu

120

125

130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546

Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val

135

140

145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594

Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165 170 175 180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185

190

195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200

205

210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser

215

220

225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834
 Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230 235 240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882
 Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg
 245 250 255 260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930
 Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln
 265 270 275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978
 Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro
 280 285 290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026
 Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser
 295 300 305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074
 Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr
 310 315 320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122
 Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg
 325 330 335 340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ctg tac aac agc taatagttt 1168

Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

345

350

gaagccgcac agcttgacct ggaaggcaccc ctgccccctt ttcagggatt ttatctcga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggttagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tggtaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agctttctt cttttcctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcaggtaa ctgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgttagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgcccagat ggtcgcccccc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctccttgtt ttgcactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttggag agctcggtt ggtcccttgtt ttccctcctt ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctcgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ctttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggctccctc atccagcccc tcgcagctt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttcacc ttgtgttacc ccctcccagt attaccattt gcccctcacc tgcccttggt 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg tttcccca cctctgagta gtggaggtc 2248

acatacacag ctctttttt attgccctt tctgcctcg aatgttcatc tctcgccctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca gggccgaca ctagtgtat gcagtgtcca 2368

gtgtaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 77

<211> 697

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 77

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu Tyr Leu Ala

1

5

10

15

Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met His Ser Ser

20

25

30

Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu Val Ala Ile

35 40 45

Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn Ser Leu Ile

50 55 60

Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile Ala Ser Ile

65 70 75 80

Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn

85 90 95

Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser

100 105 110

Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu

115 120 125

Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser

130 135 140

Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu

145 150 155 160

Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys

165 170 175

Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile

180

185

190

Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe

195

200

205

Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile

210

215

220

Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp

225

230

235

240

Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu

245

250

255

Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met

260

265

270

Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr

275

280

285

His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe

290

295

300

Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His

305

310

315

320

Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp

325

330

335

Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe

340 345 350

Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala

355 360 365

Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser

370 375 380

Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe

385 390 395 400

His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile

405 410 415

Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu

420 425 430

Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu

435 440 445

Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly

450 455 460

Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys

465 470 475 480

Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp

485 490 495

Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp

500 505 510

Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp

515 520 525

Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu

530 535 540

Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn

545 550 555 560

Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp

565 570 575

Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp

580 585 590

Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys

595 600 605

Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp

610 615 620

Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met

625 630 635 640

Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp

645

650

655

Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys

660

665

670

Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr

675

680

685

Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690

695

<210> 78

<211> 3008

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (372)..(2462)

<400> 78

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaaggct tgtctgcct cctcctttt 180

ggtttggtt tggaaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtgccg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaaatgtt aataggagt tgccgataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aattttgtt acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggta c atg tgt aaa tca ctg cgt tat tgc ttt agt cat tgt ctc 410

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu

1 5 10

tat tta gca atg aca aga ctg gaa gaa gta aat aga gaa gtg aac atg 458

Tyr Leu Ala Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met

15 20 25

cat tct tca gtg cggttat ctt ggc tat tta gcc aga atc aat tta ttg 506

His Ser Ser Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu

30 35 40 45

gtt gct ata tgc tta ggt cta tac gta aga tgg gaa aaa aca gca aat 554

Val Ala Ile Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn

50 55 60

tcc tta att ttg gta att ttt att ctt ggt ctt ttt gtt ctt gga atc 602

Ser Leu Ile Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile

65 70 75

gcc agc ata ctc tat tac tat ttt tca atg gaa gca gca agt tta agt 650

Ala Ser Ile Leu Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser

80 85 90

ctc tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt 698
 Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu
 95 100 105

gat aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat 746
 Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr
 110 115 120 125

ttg ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag 794
 Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu
 130 135 140

aga att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt 842
 Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val
 145 150 155

gaa ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg 890
 Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu
 160 165 170

gtg gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg 938
 Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met
 175 180 185

ctg att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac' tta 986
 Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu
 190 195 200 205

gtt att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa 1034

Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys

210 215 220

aat ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct 1082

Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro

225 230 235

ttc ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa 1130

Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys

240 245 250

ccc ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt 1178

Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe

255 260 265

gct gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt 1226

Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu

270 275 280 285

aga gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt 1274

Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe

290 295 300

gga att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg 1322

Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp

305 310 315

gga ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac 1370

Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His

320

325

330

agg aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg 1418

Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met

335

340

345

cgc cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt 1466

Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu

350 355 360 365

gca aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att 1514

Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile

370

375

380

ttc ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat 1562

Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His

385

390

395

ggg ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga 1610

Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly

400

405

410

tat gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca 1658

Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro

415

420

425

aca ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act 1706

Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr

430 435 440 445

ggc atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag 1754
 Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu
 450 455 460

acc tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg 1802
 Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu
 465 470 475

cat tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc 1850
 His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro
 480 485 490

aga cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca 1898
 Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr
 495 500 505

gga gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt 1946
 Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu
 510 515 520 525

ata gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att 1994
 Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile
 530 535 540

atc gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg 2042
 Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg
 545 550 555

aaa attaatgac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa 2090
 Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys
 560 565 570

aca gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca 2138
 Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr
 575 580 585

aaa gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg 2186
 Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp
 590 595 600 605

act gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg 2234
 Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg
 610 615 620

tgg agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag 2282
 Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys
 625 630 635

cac tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg 2330
 His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu
 640 645 650

gca aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt 2378
 Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys
 655 660 665

ttt agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg 2426

Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val

670 675 680 685

ctg gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttggac 2472

Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690 695

cccaaagcgg gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatTTTT 2532

gtatgctgta ttTTTATTG tgaaaatac cttgctactt ctgttagctgc tctcactttg 2592

tctttctta agtaattatg gtatataaa ggcgttggaa aaaaacattt tataatgaaa 2652

gtatgttaggg agtcaaatgc ttactgtaaa tgcataagag acgtaaaaaa taacactgca 2712

cTTTCAGGAA TGTGCTTA TGGTCCTGAT TAGAAAGAAA CAGTTGTCTA TGCTCTGCAA 2772

TGGTCAATGA TGAATTACTA ATGCCTTATT TTCTAGGCA ATAATAATAG TTAGAGAA 2832

GTAGACCAGA TAAATTGTT TACTGTTTA AGAAAACAC CAGTTACTT ACAGAAGATT 2892

CTTTTTCCA AACAGTAGGT TTCATCCAAG ACCATTTGAA GAACTGCAA CTCTTCTCT 2952

TAGAAAAGAA AGAGGGCAGC CTAaaaATAAA CGCAAAATTG GCTTATACTC CATCAC 3008

<210> 79

<211> 611

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 79

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu

1 5 10 15

Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val

20 25 30

Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg

35 40 45

Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg

50 55 60

Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala

65 70 75 80

Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu

85 90 95

Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser

100 105 110

Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe

115 120 125

Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe

130 135 140

Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu
 145 150 155 160

Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys
 165 170 175

Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe
 180 185 190

Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val
 195 200 205

Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile
 210 215 220

Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys
 225 230 235 240

His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg
 245 250 255

Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln
 260 265 270

Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser
 275 280 285

Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu

290

295

300

Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys

305

310

315

320

Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe

325

330

335

Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln

340

345

350

Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe

355

360

365

Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser

370

375

380

Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu

385

390

395

400

Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr

405

410

415

Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp

420

425

430

Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly

435

440

445

Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr

450 455 460

Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val

465 470 475 480

Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro

485 490 495

Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn

500 505 510

Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala

515 520 525

Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro

530 535 540

Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile

545 550 555 560

Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu

565 570 575

Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met

580 585 590

Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu

595 600 605

Val Lys Ser

610

<210> 80

<211> 3007

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (629)..(2461)

<400> 80

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcttatggc ctcggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgcct cctcctttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtgccg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgtt aataggagt tgccataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aattttgtt acgtgagggaa aagcccaca 360

ttgctggta catgtgtaaa tcactgcgtt attgcgttag tcattgtctc tattagcaa 420

tgacaagact ggaagaagta aatagagaag tgaacatgca ttcttcagtg cggtatcttg 480

ctat tagcc agaatcaatt tattggttgc tatatgctta ggtctatacg taagatggga 540

aaaaacagca aattccttaa ttttggtaat ttttattctt ggtcttttg ttcttggaaat 600

cgc cagcata ctcttattact attttca atg gaa gca gca agt tta agt ctc 652

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu

1 5

tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt gat 700

Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp

10 15 20

aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat ttg 748

Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu

25 30 35 40

ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag aga 796

Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg

45 50 55

att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt gaa 844

Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu

60 65 70

ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg gtg 892

Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val

75 80 85

gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg ctg 940

Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu

90

95

100

att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta gtt 988

Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val

105

110

115

120

att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa aat 1036

Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn

125

130

135

ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct ttc 1084

Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe

140

145

150

ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa ccc 1132

Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro

155

160

165

ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt gct 1180

Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala

170

175

180

gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt aga 1228

Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg

185

190

195

200

gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt gga	1276		
Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly			
205	210	215	
att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg gga	1324		
Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly			
220	225	230	
ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac agg	1372		
Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg			
235	240	245	
aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg cgc	1420		
Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg			
250	255	260	
cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt gca	1468		
His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala			
265	270	275	280
aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att ttc	1516		
Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe			
285	290	295	
ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat ggg	1564		
Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly			
300	305	310	
ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga tat	1612		

Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr

315 320 325

gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca aca 1660

Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr

330 335 340

ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act ggc 1708

Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly

345 350 355 360

atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag acc 1756

Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr

365 370 375

tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg cat 1804

Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His

380 385 390

tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc aga 1852

Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg

395 400 405

cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca gga 1900

His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly

410 415 420

gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt ata 1948

Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile

425

430

435

440

gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att atc 1996

Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile

445

450

455

gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg aaa 2044

Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys

460

465

470

att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa aca 2092

Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr

475

480

485

gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca aaa 2140

Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys

490

495

500

gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg act 2188

Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr

505

510

515

520

gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg tgg 2236

Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp

525

530

535

agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag cac 2284

Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His

540

545

550

tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg gca 2332

Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala

555

560

565

aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt ttt 2380

Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe

570

575

580

agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg ctg 2428

Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu

585

590

595

600

gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttggac cccaaagcgg 2481

Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

605

610

gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccattttt gtatgctgta 2541

tttttatttg tggaaaatac cttgctactt ctgttagctgc tctcaacttgc tctttctta 2601

agtaattatg gtatatataa ggcgttggaa aaaaacattt tataatgaaa gtatgttaggg 2661

agtcaaatgc ttactgtaaa tgcataagag acgtaaaaaa taacactgca ctttcaggaa 2721

tgtttgctta tggtcctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa tggtcaatga 2781

tgaattacta atgccttatt ttcttaggcat ataataatag ttttagagaat gtagaccaga 2841

taaatttgtt tactgttttta agaaaactac cagttactt acagaagatt ctttttcca 2901

aacagtaggt ttcatccaag accatttcaa gaactgcaaa ctctttctt tagaaaagaa 2961

agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3007

<210> 81

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 81

Met Thr Ser Phe Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu

1

5

10

15

Gln Met Thr Val Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln

20

25

30

Ser Ile Ser Phe Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys

35

40

45

Phe Gly Arg Asn Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln

50

55

60

Val Ser Arg Val Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser

65

70

75

80

Ser Val Leu Ser Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu

85

90

95

Ile Val Asp Ser Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro

100

105

110

Tyr Arg Cys Met Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys

115

120

125

Glu Asp Gly Glu Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser

130

135

140

Pro Arg Ser Leu Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile

145

150

155

160

Pro Glu Tyr Gly Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro

165

170

175

Thr Glu Met Asp Glu Asn Glu Ser

180

<210> 82

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (285)..(836)

<400> 82

ttttacaaa ggccccgggc gcgagaggac gtgctctgcc agccagtggg aaggcaggcc 60

gcgcgcgcgg gagcgcggga ggatcggcgg ctcgcgtca ctggtccctg gctcggttcc 120

ccgcaccccg gggctcacac ttacccgcgc ggaggagcag cggccgggtg tccacccca 180

tcctgcgccc agtctcctcg attcccctcg ctctgagccg ggagagccga acagctgaag 240

agagttcact gactccccag ccccaggtgg gccttgtca catc atg acc agt ttt 296

Met Thr Ser Phe

1

gaa gat gct gac aca gaa gag aca gta act tgt ctc cag atg acg gtt 344

Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu Gln Met Thr Val

5

10

15

20

tac cat cct ggc cag ttg cag tgt gga ata ttt cag tca ata agt ttt 392

Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln Ser Ile Ser Phe

25

30

35

aac aga gag aaa ctc cct tcc agc gaa gtg gtg aaa ttt ggc cga aat 440

Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys Phe Gly Arg Asn

40

45

50

tcc aac atc tgt cat tat act ttt cag gac aaa cag gtt tcc cga gtt 488

Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln Val Ser Arg Val

55

60

65

cag ttt tct ctg cag ctg ttt aaa aaa ttc aac agc tca gtt ctc tcc 536

Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser Ser Val Leu Ser

70

75

80

ttt gaa ata aaa aat atg agt aaa aag acc aat ctg atc gtg gac agc 584

Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu Ile Val Asp Ser

85

90

95

100

aga gag ctg ggc tac cta aat aaa atg gac ctg cca tac agg tgc atg 632

Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro Tyr Arg Cys Met

105

110

115

gtc aga ttc gga gag tat cag ttt ctg atg gag aag gaa gat ggc gag 680

Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys Glu Asp Gly Glu

120

125

130

tca ttg gaa ttt ttt gag act caa ttt att tta tct cca aga tca ctc 728

Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser Pro Arg Ser Leu

135

140

145

ttg caa gaa aac aac tgg cca cca cac agg ccc ata ccg gag tat ggc 776

Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile Pro Glu Tyr Gly

150

155

160

act tat tcg ctc tgc tcc tcc caa agc agt tct ccg aca gaa atg gat 824

Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Pro Thr Glu Met Asp

165

170

175

180

gaa aat gag tca tgaacacaga aagtctaaga ggagaaaat gatggatgaa 876

Glu Asn Glu Ser

gagctctgtat gatgctgtat agacactaaa taagagttga tttagggtat atattata 936

catctgttat gctgtgaaat ttggaattca gtattatcat tttgaagtct gtaaatttg 996

ttagtcatta acttagtcac ctgttgttatt ctggatctac aaaaaattat tttaactgct 1056

cttattaatc tgtgaggatt aatatacataa aagtatcctt tgagatgaag tcgtgttctc 1116

aaaataaggat tatattat tcttttctg cttgatttc atcttgtt ttgcattttt 1176

ttttaagga accatctt ggtttggtca catcagttca caacagccat ttgtttcaa 1236

ggtcaaggct ccaggcagg ttttactgtt gtttgcagcc tgtcagtact tgcaactgt 1296

gaataggttc taggcttagt tctgcgcgtc actgtggttt tagcatggga ggacttattt 1356

gagaaatact accttacttt tctatgattt cttttacag agttatgtg ttttactcc 1416

taagatgaca gttctctttt tctatattca gcatctaaga caaatattta aacattttaa 1476

agaaccactg tgttaagttt aggattattt acttacaaa tttagaagttt gactttatg 1536

tgttatacac aatcttaaaa tttcacgaat tcaccctttt aatagtatcc atgtacataa 1596

taaaatcaaa gtttaattag c 1617

<210> 83

<211> 392

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 83

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr

275 280 285

Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu

290 295 300

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly

305 310 315 320

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala

325 330 335

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val

340 345 350

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg

355 360 365

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro

370 375 380

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385 390

<210> 84

<211> 1898

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1294)

<400> 84

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgcccc gggactcgc attccccgt tccccctcca ccccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166
Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214
Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30.

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262
Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310
Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358
Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406
 Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454
 Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502
 Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550
 Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser
 130 135 140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598
 Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
 145 150 155 160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646
 Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
 165 170 175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694
 Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
 180 185 190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742
 Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
 195 200 205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790
 Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
 210 215 220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838
 Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
 225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886
 Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
 245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934
 Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu
 260 265 270

ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa cag ggg gcc cta ctg gag gga acc 982
 Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr
 275 280 285

cgc ttc atg ggg cga cac agt gag ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc 1030
 Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu
 290 295 300

tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag ctc ttc atc ttt tac acc att ggg 1078

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly

305

310

315

320

cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc atc atc atg acc ctc cgc cag gcc 1126

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala

325

330

335

ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt ctc tat ggc cac act gtc act gtg 1174

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val

340

345

350

gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga 1222

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg

355

360

365

gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag caa cgg gga aag aag gct gtg cct 1270

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro

370

375

380

gtt gag tct cct gtg cag aag gtt tgagggtgga aaggccctga ggggtgaagt 1324

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385

390

gaaataggac cctcccacca tccccttctg ctgtAACCTC tgagggagct ggctgaaagg 1384

gcaaaatgca ggtgtttct cagtatcaca gaccagctct gcagcagggg attggggagc 1444

ccaggaggca gccttccctt ttgccttaag tcacccatct tccagtaagc agtttattct 1504

gagccccggg ggttagacagt cctcagtgag gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc 1564

ataggtaggt tccacagttt ctcttccac aagtccctt aagtcttgcc ctagctgtgc 1624

tctgccacct tccagactca ctcccctctg caaatacctg catttcttac cctgggtgaga 1684

aaagcacaag cggtgttaggc tccaatgctg ctttcccagg agggtgaaga tggtgctgtg 1744

ctgagggaaag gggatgcaga gccctgccc gcaccaccac ctcctatgct cctggatccc 1804

taggctctgt tccatgagcc tggcgagg tttggtaactt tagaaatgta acttttgct 1864

cattataattt tattttatta aattaaatta ctgc 1898

<210> 85

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 85

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130 135 140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145 150 155 160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165 170 175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180 185 190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp

275

280

285

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe

290

295

300

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu

305

310

315

320

Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu

325

330

335

Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln

340

345

350

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr

355 360 365

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu

370 375 380

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val

385 390 395 400

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405 410 415

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420 425 430

<210> 86

<211> 2018

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1414)

<400> 86

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcgga ggcgcaggggg 60

cgcgcggccc ggggactcgc attccccgt tccccctcca cccccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166
 Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser
 1 5 10 15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214
 Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr
 20 25 30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262
 Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser
 35 40 45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310
 Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn
 50 55 60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358
 Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys
 65 70 75 80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406
 Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro
 85 90 95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454
 Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu
 100 105 110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502
 Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val
 115 120 125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550
 Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser
 130 135 140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598
 Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
 145 150 155 160

?

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646
 Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
 165 170 175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694
 Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
 180 185 190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742
 Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
 195 200 205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790
 Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
 210 215 220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260 265 270

atc tta ctg gca ggt tat att gct ttt gac agc ttc acc tca aac tgg 982

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp

275 280 285

cag gat gcc ctg ttt gcc tat aag atg tca tcg gtg cag atg atg ttt 1030

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe

290 295 300

ggg gtc aat ttc ttc tcc tgc ctc ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa 1078

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu

305 310 315 320

cag ggg gcc cta ctg gag gga acc cgc ttc atg ggg cga cac agt gag 1126

Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu

325 330 335

ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag 1174

Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln

340

345

350

ctc ttc atc ttt tac acc att ggg cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc 1222

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr

355

360

365

atc atc atg acc ctc cgc cag gcc ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt 1270

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu

370

375

380

ctc tat ggc cac act gtc act gtg gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg 1318

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val

385

390

395

400

gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag 1366

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405

410

415

caa cgg gga aag aag gct gtg cct gtt gag tct cct gtg cag aag gtt 1414

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420

425

430

tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt gaaataggac cctccacca tcccctctg 1474

ctgtaacctc tgagggagct ggctgaaagg gcaaatgca ggtgtttct cagtatcaca 1534

gaccagctct gcagcagggg attggggagc ccaggaggca gcctccctt ttgccttaag 1594

tcacccatct tccagtaagc agtttattct gagccccggg ggttagacagt cctcagtgag 1654

gggtttggg gagtttgggg tcaagagagc ataggttaggt tccacagtta ctttccac 1714

aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc tctgccacct tccagactca ctcccctctg 1774

caaatacctg catttcttac cctggtgaga aaagcacaag cggtgttaggc tccaatgctg 1834

ctttcccagg agggtaaga tggtgctgtc ctgaggaaag gggatgcaga gccctgccc 1894

gcaccaccac ctcctatgct cctggatccc taggctctgt tccatgagcc tggcaggt 1954

tttggtactt tagaaatgta acttttgct cttataattt tattttatta aattaaatta 2014

ctgc 2018

<210> 87

<211> 235

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 87

Met Gly Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser

1

5

10

15

Trp Gly Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser

20

25

30

Asp Ser Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His

35 40 45

Ser Asn Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser

50 55 60

Val Glu Glu Met Phe Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys

65 70 75 80

Phe Val Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val

85 90 95

Gln Asn Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe

100 105 110

Ala Glu Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala

115 120 125

Val Asn Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu

130 135 140

Arg Asp Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser

145 150 155 160

Val Asn Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu

165 170 175

Asn Asn Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile

180 185 190

Asn Ala Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg

195

200

205

Ile Phe Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu

210

215

220

Thr Arg Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

225

230

235

<210> 88

<211> 2717

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (111)..(815)

<400> 88

aaaaggaaga cagaaaagcc gcgggctgac tgtggtggcg ctgcgtc gattaaaaag 60

aaatgctgag aaatacataa agtttcctc ttctgccttg gatattata atg ggt 116

Met Gly

1

atc ggg aag tct aaa ata aat tcc tgc cct ctt tct ctc tct tgg ggt 164

Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser Trp Gly

5

10

15

aaa agg cac agt gtg gat aca agt cca gga tat cat gag tca gat tcc 212
 Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser Asp Ser
 20 25 30

aag aag tct gaa gat cta tcc ttg tgt aat gtt gct gag cac agc aat 260
 Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His Ser Asn
 35 40 45 50

aca aca gag ggg cca aca gga aag cag gag gga gct cag agc gtg gaa 308
 Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser Val Glu
 55 60 65

gag atg ttt gaa gaa gaa gct gaa gaa gag gtg ttc ctc aaa ttt gtg 356
 Glu Met Phe Glu Glu Ala Glu Glu Val Phe Leu Lys Phe Val
 70 75 80

ata ttg cat gca gaa gat gac aca gat gaa gcc ctc aga gtc cag aat 404
 Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val Gln Asn
 85 90 95

ctg cta caa gat gac ttt ggt atc aaa ccc gga ata atc ttt gct gag 452
 Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe Ala Glu
 100 105 110

atg cca tgt ggc aga cag cat tta cag aat tta gat gat gct gta aat 500
 Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala Val Asn
 115 120 125 130

ggg tct gca tgg aca atc tta tta ctg act gaa aac ttt tta aga gat 548

Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu Arg Asp

135

140

145

act tgg tgt aat ttc cag ttc tat acg tcc cta atg aac tcc gtt aac 596

Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser Val Asn

150

155

160

agg cag cat aaa tac aac tct gtt ata ccc atg cgg ccc ctg aac aat 644

Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu Asn Asn

165

170

175

ccc ctt ccc cga gaa agg act ccc ttt gcc ctc caa acc atc aat gcc 692

Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile Asn Ala

180

185

190

tta gag gaa gaa agt cgt gga ttt cct aca caa gta gaa aga att ttt 740

Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg Ile Phe

195 200 205 210

cag gag tct gtg tat aag aca caa caa act ata tgg aaa gag aca aga 788

Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu Thr Arg

215

220

225

aat atg gta caa aga caa ttt att gcc tgagatgaaa catataacat 835

Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

230

235

gtggctggct cttgtttgt aaaccaaatg attaatcttc acttgagaaaa gcagttctca 895

ggaaatgtt aaataaaaga gagtcac cttaaagaaa cctatggc acaagaaaga 955

taaatttctg caggacagcc tataaaattg tggtacttt tgatgttca gtaaacttga 1015

cattgtcaga gtttcaagga ctttcttc acaattttcc tagttcatgg atatgaaaaa 1075

ggaattctca atccatattc ctgttattga accttgaaca aaaacttgta tgacagacat 1135

ttttaaaaat gtgacaacac ttttattctc tgaattttga tctcaaagga cacagaaaaa 1195

aaatggcccc aggagatctg atcacacttc ctccgtggc acctctcatg gatgttgcaa 1255

taagcattcg ggtactatca cccagaaata tgaattgccca gaatagaaca tttagcatgt 1315

taagcggtga tgcataaaa atcagaaata gatgtgagaa tggtgaaact tttaaaaga 1375

accaggtaa atgtatccc tgctgaaatc tgcataatttgc gaggcatttc ccaccaccga 1435

ttcacagccc atttgatagt gtggtagtta gggacttcgt ggagtgggtgt tcagacgtcc 1495

cctggggctt aaatctttc atattgtca tcatttgtaa ctatggctt atttgcagag 1555

cttctaaaag gcgtataact gtgtgagtttgc ccagatattc actttttaga tcaaaaacct 1615

ctcttatgga agctttaaaa gtttccgtca cacacaatttgc tcttctcagg aagtatttct 1675

catttaggtc ttcaaaagtag cctgactgtg tgcatgtgtg tgtgtgatag gtttttata 1735

aagactttgg atagaaggag atgtatTTTA ttacccCTTA ttcttagAGCC ccatgCTCCT 1795

aacaAGCCAG agaggCCCCA aacaggATTG tttCTTTCCT ccacAGCCCT tctGCCATC 1855

tgagattgag ggagcatcgt ccacttgaga tcagggatgg ggtggagaat gggtcatgtc 1915

atgtaatgag aaaAGCCCTC ttcGGGATCA tgagacttgg ttctAGTCCA atttCTGCCA 1975

ctgaggatga atgtaactgt gggcaaACTA tttACCCtCC tttatCTGTG aaatgaaagg 2035

gttgaattga tggatctcta aaggCTTTG tcctctatGA ggatgtAAA aactaggGAC 2095

cacaaaAGGG aacaAGCAAa aaagtTTGGA ttcgataAAg tgatATGtaA tagttgcaga 2155

aggCTTATA tatgCTTATA atgAAAAGAT atTTTTGTA tattgacAGC ataatttatt 2215

ttaatgctg tcattacact taaagtCACA ggaaaaAAAt atacatgCTT actcaggCtt 2275

tctaaaaat aaatTTTAt agagatCCTT gagtaaAGAC atTTTGCTTA atttCTTTT 2335

tcttattccc cacttgata tcccCTACCA gtaccGGGAT ctgcacacat CTtttgcAG 2395

ttacCTCTTC atagCCATGA accAAAACGT tctatgAGGA gcatgcaAGT aagtcaAGCC 2455

tcctattctg ttagtactta ttagaggAGG agatggTTT cattgcataG tgacatttC 2515

ttagCCTTAA CGTTCTGATA gtagCTTACT actcacttCT CTTTTcAGT tttcataata 2575

agtattcatt ttttGCCAT aatgCTTCCt gtaaAGCCAA ttttatatac taataAAACA 2635

tgaactgccc actcttcatg cctgccaaac ttggggcaat tgatgctaaa tggtaaaaa 2695

aaaataaaatg ttttattct tt 2717

<210> 89

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 89

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1	5	10	15
---	---	----	----

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20	25	30
----	----	----

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35	40	45
----	----	----

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50	55	60
----	----	----

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65	70	75	80
----	----	----	----

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85	90	95
----	----	----

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100 105 110

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115 120 125

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130 135 140

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145 150 155 160

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165 170 175

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180 185 190

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195 200 205

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210 215 220

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn

225 230 235 240

Gln Tyr Glu Ile Val

245

<210> 90

<211> 1793

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (60)..(794)

<400> 90

gcgtctcgct ctctgtgttc caatcgcccg gtgcggtggt gcagggtctc gggctagtc 59

atg gcg tcc ccg tct cgg aga ctg cag act aaa cca gtc att act tgt 107

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1

5

10

15

ttc aag agc gtt ctg cta atc tac act ttt att ttc tgg atc act ggc 155

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20

25

30

gtt atc ctt ctt gca gtt ggc att tgg ggc aag gtg agc ctg gag aat 203

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35

40

45

tac ttt tct ctt tta aat gag aag gcc acc aat gtc ccc ttc gtg ctc 251

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50

55

60

att gct act ggt acc gtc att att ctt ttg ggc acc ttt ggt tgt ttt 299

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

gct acc tgc cga gct tct gca tgg atg cta aaa ctg tat gca atg ttt 347

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

ctg act ctc gtt ttt ttg gtc gaa ctg gtc gct gcc atc gta gga ttt 395

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

gtt ttc aga cat gag att aag aac agc ttt aag aat aat tat gag aag 443

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

gct ttg aag cag tat aac tct aca gga gat tat aga agc cat gca gta 491

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

gac aag atc caa aat acg ttg cat tgt tgt ggt gtc acc gat tat aga 539

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

gat tgg aca gat act aat tat tac tca gaa aaa gga ttt cct aag agt 587

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

tgc tgt aaa ctt gaa gat tgt act cca cag aga gat gca gac aaa gta 635
 Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180 185 190

aac aat gaa ggt tgt ttt ata aag gtg atg acc att ata gag tca gaa 683
 Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195 200 205

atg gga gtc gtt gca gga att tcc ttt gga gtt gct tgc ttc caa ctg 731
 Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210 215 220

att gga atc ttt ctc gcc tac tgc ctc tct cgt gcc ata aca aat aac 779
 Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn
 225 230 235 240

cag tat gag ata gtg taacccaatg tatctgtggg cctattcctc tctaccttta 834
 Gln Tyr Glu Ile Val
 245

aggacattta gggccccccc tgtgaattag aaagttgctt ggctggagaa ctgacaacac 894

tacttactga tagaccaaaa aactacacca gtaggttgat tcaatcaaga tgtatgtaga 954

cctaaaacta caccaatagg ctgattcaat caagatccgt gctcgagtg ggctgattca 1014

atcaagatgt atgtttgcta tggtaagt ccacccatca tcccatcat gtttagatcgt 1074

tgaaaccctg tatccctctg aaacactgga agagcttagta aattgtaaat gaagtaatac 1134

tgttttcctc ttgactgtta ttttcttag tagggggcct ttggaaggca ctgtgaattt 1194

gctatttga tgttgttta caagatggaa aattgattcc tctgactttg ctattgatgt 1254

agtgtgatag aaaattcacc cctctgaact ggctccttcc cagtcaaggt tatctggttt 1314

gattgtataa tttgcaccaa gaagttaaaa tgtttatga ctctctgttc tgctgacagg 1374

cagagagtca cattgtgtaa ttaatttca gtcagtcaat agatggcatc cctcatcagg 1434

gttgccagat ggtgataaca gtgttaaggcc ttgggtctaa ggcatccacg actggaaggg 1494

actactgatg ttctgtgata catcaggtt cagcacacaa cttacatttc ttgcctcca 1554

aattgaggca tttattatga tttcataact ttccctcttg tttgaaagtt tctaattatt 1614

aaatgggtgc ggaattgttg tatttcctt aggaattcag tggaacttat cttcattaaa 1674

tttagctgg accaggttga tatgacttgt caatattatg gtcaactta agtcttagtt 1734

ttcgtttgtc ctttgatta ataagtataa ctcttataca ataaatactg ctccctct 1793

<210> 91

<211> 180

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 91

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys Arg Val Pro Met Glu Asp Gly

1

5

10

15

Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu

20

25

30

Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala

35

40

45

Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Met Glu Cys Arg

50

55

60

Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly

65

70

75

80

Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala Thr Cys Asn His Thr Val Met

85

90

95

Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys

100

105

110

Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr Thr Leu Asn His Lys Leu Gln

115

120

125

Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu

130

135

140

Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Lys Tyr Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser
 145 150 155 160

Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser
 165 170 175

Ala Leu Leu Gln

180

<210> 92

<211> 970

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(565)

<400> 92

ttttcagct aaaggggaga tctgg atg gca tct act tcg tat gac tat tgc 52

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys

1 5

aga gtg ccc atg gaa gac ggg gat aag cgc tgt aag ctt ctg ctg ggg 100

Arg Val Pro Met Glu Asp Gly Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly

10 15 20 25

ata gga att ctg gtg ctc ctg atc atc gtg att ctg ggg gtg ccc ttg 148

Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu

30 35 40

att atc ttc acc atc aag gcc aac agc gag gcc tgc cgg gac ggc ctt 196

Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu

45 50 55

cgg gca gtg atg gag tgt cgc aat gtc acc cat ctc ctg caa caa gag 244

Arg Ala Val Met Glu Cys Arg Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu

60 65 70

ctg acc gag gcc cag aag ggc ttt cag gat gtg gag gcc cag gct gcc 292

Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala

75 80 85

acc tgc aac cac act gtg atg gcc cta atg gct tcc ctg gat gca gag 340

Thr Cys Asn His Thr Val Met Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu

90 95 100 105

aag gcc caa gga caa aag aaa gtg gag gag ctt gag gga gag atc act 388

Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr

110 115 120

aca tta aac cat aag ctt cag gac gcg tct gca gag gtg gag cga ctg 436

Thr Leu Asn His Lys Leu Gln Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu

125 130 135

aga aga gaa aac cag gtc tta agc gtg aga atc gcg gac aag aag tac 484

Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Tyr

140

145

150

tac ccc agc tcc cag gac tcc agc tcc gct gcg gcg ccc cag ctg ctg 532

Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu

155

160

165

att gtg ctg ctg ggc ctc agc gct ctg ctg cag tgagatccca ggaagctggc 585

Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser Ala Leu Leu Gln

170

175

180

acatcttgaa aggtccgtcc tgctcggctt ttcgcttgaa cattcccttg atctcatcag 645

ttctgagcgg gtcatggggc aacacggta gcggggagag cacgggttag ccggagaagg 705

gcctctggag caggtctgga ggggccatgg ggcagtcctg ggtgtggga cacagtcggg 765

ttgaccagg gctgtctccc tccagagcct ccctccggac aatgagtccc ccctttgtc 825

tcccaccctg agattggca tgggtgcgg tgtgggggc atgtgctgcc ttttgtatg 885

ggttttttt gcgggggggg ttgctttttt ctgggtctt tgagctcaa aaaataaaca 945

cttccttga gggagagcac acctt

970

<210> 93

<211> 331

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 93

Met Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe

1

5

10

15

Arg Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn

20

25

30

Glu Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu

35

40

45

Ala Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala

50

55

60

Ile Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp

65

70

75

80

Phe Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile

85

90

95

Glu Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly

100

105

110

Cys Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly

115

120

125

Ile Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr

130

135

140

Ser Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala
 145 150 155 160

 Val Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser
 165 170 175

 Ala Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu
 180 185 190

 Lys Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser
 195 200 205

 Leu Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile
 210 215 220

 Arg Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr
 225 230 235 240

 Trp Arg Ile Ser Ala Gly Ser Gly Gly Gln Ala Glu Arg Thr Ile Ala
 245 250 255

 Gly Thr Thr Arg Ala Val Ser Arg Gly Ala Arg Ile Leu Ser Ala Thr
 260 265 270

 Thr Ser Gly Ile Phe Leu Ala Leu Asp Val Val Asn Leu Val Tyr Glu
 275 280 285

 Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Ala Ser Ala Glu Glu Leu
 290 295 300

Arg Arg Gln Ala Gln Glu Leu Glu Glu Asn Leu Met Glu Leu Thr Gln

305 310 315 320

Ile Tyr Gln Arg Leu Asn Pro Cys His Thr His

325 330

<210> 94

<211> 2039

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (175)..(1167)

<400> 94

attatgcaga tgcacggctg gaggtggat ccacacagct cagaacagct gatatcggct 60

cacactcttt caagagaagc ttcccttgggt taagaaaaaa aacgaaccct tccagtcagg 120

tcagtgactg gagagctcca aggaaagtct ctcagtgacc tggctgctgg cacc atg 177

Met

1

gac tca gaa aag aaa cgc ttt act gaa gag gcc acc aaa tac ttc cgg 225

Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe Arg

5

10

15

gag aga gtc agc cca gtg cat ctg caa atc ctg ctg act aac aat gaa 273
 Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn Glu

20 25 30

gcc tgg aag aga ttc gtg act gcg gct gaa ttg ccc agg gat gag gca 321
 Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu Ala
 35 40 45

gat gct ctc tac gaa gct ctg aag aag ctt aga aca tat gca gct att 369
 Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala Ile
 50 55 60 65

gag gac gaa tat gtg cag cag aaa gat gag cag ttt agg gaa tgg ttt 417
 Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp Phe
 70 75 80

ttg aaa gag ttt ccc caa gtc aag agg aag atc cag gag tcc ata gaa 465
 Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile Glu
 85 90 95

aag ctt cgt gcc ctt gca aat ggt att gaa gag gtc cac aga ggc tgc 513
 Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly Cys
 100 105 110

acc atc tcc aac gtg gtg tcc agc tcc act ggc gct gcc tct ggc atc 561
 Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly Ile
 115 120 125

atg tcc ctt gct ggt ctt gtt ttg gca cca ttt aca gca ggg acg agt 609
 Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr Ser
 130 135 140 145

ctg gcc ctt act gca gct ggg gta ggg ctg gga gca gcg tct gct gtg 657
 Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala Val
 150 155 160

act ggg atc acc acc agc atc gtg gag cac tca tac aca tca tca gca 705
 Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser Ala
 165 170 175

gaa gct gaa gcc agc agg ctg act gca acc agc att gac cga ttg aag 753
 Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu Lys
 180 185 190

gta ttt aag gaa gtt atg cgt gac atc aca ccc aac tta ctt tcc ctt 801
 Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser Leu
 195 200 205

ctt aat aat tat tac gaa gcc aca caa acc att ggg agt gaa atc cgt 849
 Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile Arg
 210 215 220 225

gcc atc agg caa gcc aga gcc agg gcc cga ctc cct gtg acc acc tgg 897
 Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr Trp
 230 235 240

cga atc tca gct gga agt ggt ggt caa gca gag aga acg att gca ggc 945

Arg Ile Ser Ala Gly Ser Gly Gly Gln Ala Glu Arg Thr Ile Ala Gly

245

250

255

acc acc cgg gca gtg agc aga gga gcc cgg atc ctg agt gcg acc act 993

Thr Thr Arg Ala Val Ser Arg Gly Ala Arg Ile Leu Ser Ala Thr Thr

260

265

270

tca ggc atc ttc ctt gca ctg gat gtg gtc aac ctt gta tac gag tca 1041

Ser Gly Ile Phe Leu Ala Leu Asp Val Val Asn Leu Val Tyr Glu Ser

275

280

285

aag cac ttg cat gag ggg gca aag tct gca tct gct gag gag ctg agg 1089

Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Ala Ser Ala Glu Glu Leu Arg

290

295

300

305

cgg cag gct cag gag ctg gag gag aat cta atg gag ctc act cag atc 1137

Arg Gln Ala Gln Glu Leu Glu Glu Asn Leu Met Glu Leu Thr Gln Ile

310

315

320

tat cag cgt ctg aat cca tgc cat acc cac tgacccaga ccagtgcagc 1187

Tyr Gln Arg Leu Asn Pro Cys His Thr His

325

330

cagcagggga ggtgagccat acacaggcca cgacaaaatg caggcattt attaggggaa 1247

taaagagggc aaggtaaagt ttatggagct gagtgtagt gactttggca tttctgttagc 1307

tgagcacagc aggggagggg ttaatgcaga tggcaagtgc accaaggaga aggcaggaat 1367

gctggaggcct ggaataaggg aggagagggg actggagagt gtggggata ggaagaagaa 1427

attccttta gactaacgaa tatattgggg ggaggaatag aggggaggtg tgcaggaacc 1487

agcaatgaga aggccaggaa aagaaagagc tgaaaatgca gaaagccgaa gagttagaac 1547

ttttggatac agcagaagaa acagcggctc cactaccgac ctgccccgg ttcgatgtcc 1607

ttccaagaat gaagtcttc cctggtgatg gtccctgcc ctgtcttcc agcatccact 1667

ctgtcttgc tccttggaaag tgtatcttag tcagccagtg gcttcttgat gatggcggtg 1727

gaggtggtgg ttgttagtgtg atggatcccc tttaggttat ttagggtat atgtcccctg 1787

cttgaacctt gaaggccagg taatgagcca tggccattgt cccagctga ggaccaggtg 1847

tctctaaaaa cccaaacatc ctggagagta tgcgagaacc taccaagaaa aacagtctca 1907

ttactcatat acagcaggca aagagacaga aaattaactg aaaagcagtt tagagactgg 1967

gggaggccgg atctctagag ccattctgct gagtgccctg tgtgttaagtc ctaataaact 2027

cacctactca cc 2039

<210> 95

<211> 407

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 95

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1

5

10

15

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20

25

30

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35

40

45

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50

55

60

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65

70

75

80

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly

85

90

95

His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu

100

105

110

Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe

115

120

125

Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser

130

135

140

Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg
 145 150 155 160

Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr
 165 170 175

Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr
 180 185 190

Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys
 195 200 205

Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr
 210 215 220

Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys
 225 230 235 240

Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg
 245 250 255

Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu
 260 265 270

Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp
 275 280 285

Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly
 290 295 300

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu
 305 310 315 320

Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu
 325 330 335

Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser
 340 345 350

Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser
 355 360 365

Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu
 370 375 380

Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe
 385 390 395 400

Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu
 405

<210> 96

<211> 1409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (181)..(1401)

<400> 96

gctgtgttttgcgcgtaccgtgcggccctgtagttggagacggcggtcgccgcggcct 60

ttcccaacttagccggagtagcccttagttcgtttagtcaaaa cgtaaaaaa aaagacctgc 120

tttgccctgg gaaatagtaaccctgccaatacatcagcttgtaggagacagaggatgtg 180

atg gag ctg ctt gaa gaa gat ctc aca tgc cct att tgt tgt agt ctg 228

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1

5

10

15

ttt gat gat cca cgg gtt ttgccttgc tcc cac aac ttc tgc aaa aaa 276

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20

25

30

tgc tta gaa ggt atc tta gaa ggg agt gtgcgg aat tcc ttgtggaga 324

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35

40

45

cca gct cca ttc aag tgt cct aca tgc cgt aag gaa act tca gct act 372

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50

55

60

gga att aat agc ctg cag gtt aat tac tcc ctg aag ggt att gtg gaa 420

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65

70

75

80

aag tat aac aag atc aag atc tct ccc aaa atg cca gta tgc aaa gga	468	
Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly		
85	90	95
cac ttg ggg cag cct ctc aac att ttc tgc ctg act gat atg cag ctg	516	
His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu		
100	105	110
att tgt ggg atc tgt gct act cgt ggg gag cac acc aaa cat gtc ttc	564	
Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe		
115	120	125
tgt tct att gaa gat gcc tat gct cag gaa agg gat gcc ttt gag tcc	612	
Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser		
130	135	140
ctc ttc cag agc ttt gag acc tgg cgt cgg gga gat gct ctt tct cgc	660	
Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg		
145	150	155
160		
ttg gat acc ttg gaa act agt aag agg aaa tcc cta cag tta ctg act	708	
Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr		
165	170	175
aaa gat tca gat aaa gtg aag gaa ttt ttt gag aag tta caa cac aca	756	
Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr		
180	185	190

ctg gat caa aag aag aat gaa att ctg tct gac ttt gag acc atg aaa 804
 Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys
 195 200 205

ctt gct gtt atg caa gca tat gac cca gag atc aac aaa ctc aac acc 852
 Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr
 210 215 220

atc ttg cag gag caa cgg atg gcc ttt aac att gct gag gct ttc aaa 900
 Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys
 225 230 235 240

gat gtg tca gaa ccc att gta ttt ctg caa cag atg cag gag ttt aga 948
 Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg
 245 250 255

gag aaa atc aaa gta atc aag gaa act cct tta cct ccc tct aat ttg 996
 Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu
 260 265 270

cct gca agc cct tta atg aag aac ttt gat acc agt cag tgg gaa gac 1044
 Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp
 275 280 285

ata aaa cta gtc gat gtg gat aaa ctt tct ttg cct caa gac act ggc 1092
 Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly
 290 295 300

aca ttc att agc aag att ccc tgg agc ttt tat aag tta ttt ttg cta 1140

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu
 305 310 315 320

atc ctt ctg ctt ggc ctt gtc att gtc ttt ggt cct acc atg ttc cta 1188
 Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu
 325 330 335

gaa tgg tca tta ttt gat gac ctg gca act tgg aaa ggc tgt ctt tca 1236
 Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser
 340 345 350

aac ttc agt tcc tat ctg act aaa aca gcc gat ttc ata gaa caa tca 1284
 Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser
 355 360 365

gtt ttt tac tgg gaa cag gtg aca gat ggg ttt ttc att ttc aat gaa 1332
 Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu
 370 375 380

aga ttc aag aat ttt act ttg gtg gta ctg aac aat gtg gca gaa ttt 1380
 Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe
 385 390 395 400

gtg tgc aaa tat aaa cta tta taaaatcg 1409
 Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu
 405

<211> 465

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 97

Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys

1

5

10

15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly

20

25

30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser

35

40

45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50

55

60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu

65

70

75

80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His

85

90

95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys

100

105

110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu

115

120

125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val

130 135 140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser

145 150 155 160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg

165 170 175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu

180 185 190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr

195 200 205

Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn

210 215 220

Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Lys Cys Gln Gly Ser

225 230 235 240

Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp

245 250 255

Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr

260 265 270

Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg

275 280 285

Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu

290 295 300

Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val

325 330 335

Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp

340 345 350

Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val

355 360 365

Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr

370 375 380

Leu Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro

385 390 395 400

Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu

405 410 415

Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys

420 425 430

His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro

435

440

445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly

450

455

460

Asp

465

<210> 98

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 98

gttaacttcc tgacccagga agtggcagca acagagggga ctagcagcga atatactta 60

caccaaatct cagaagattc agaacttaga tgagtggggc ccaggacagg aaccctggag 120

ccttggaaagg aggggagccc catctccccca gaagagcagt gacccagca gagaggggcc 180

tggtgtatca ctggaggaaa tagcctgccca aggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240

gtggcttcaa gagactgatc aaattgtgag aggaaaacag cctacccggt cctctttct 300

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly

85

90

95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815

Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp

100

105

110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863

Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val

115

120

125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag gaa gct gtg aca 911

Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val Thr

130

135

140

145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959

Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr

150

155

160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007

Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln

165

170

175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055

Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu

180

185

190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103

Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu

195

200

205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151

Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu

210

215

220

225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199

Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala

230

235

240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247

Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala

245

250

255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295

Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met

260

265

270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343

Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser

275

280

285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391

His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu

290

295

300

305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439

Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu

310

315

320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggt tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

370

375

380

385

agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679

Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr

390

395

400

tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727

Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp

405

410

415

tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775

Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His

420

425

430

atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823
 Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr
 435 440 445

ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871
 Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp
 450 455 460 465

taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931

taagggcag 1940

<210> 99
 <211> 465
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 99
 Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys
 1 5 10 15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly
 20 25 30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser
 35 40 45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50

55

60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu

65

70

75

80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His

85

90

95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys

100

105

110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu

115

120

125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val

130

135

140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser

145

150

155

160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg

165

170

175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu

180

185

190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr

195

200

205

Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn

210 215 220

Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser

225 230 235 240

Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp

245 250 255

Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr

260 265 270

Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg

275 280 285

Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu

290 295 300

Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val

325 330 335

Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp

340 345 350

Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val

355 360 365

Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr

370 375 380

Leu Arg Leu Cys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro

385 390 395 400

Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu

405 410 415

Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys

420 425 430

His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro

435 440 445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly

450 455 460

Asp

465

<210> 100

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 100

gttaacttcc tgacccagga agtggcagca acagagggga ctagcagcga atatacttta 60

caccaaatct cagaagattc agaacttaga tgagtgggc ccaggacagg aaccctggag 120

ccttggagg aggaggccc catctccccca gaagagcagt gacccagca gagaggggcc 180

tggtgtatca ctggaggaaa tagcctgcca aggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240

gtggcttcaa gagactgatc aaattgtgag aggaaaacag cctacccggt cctctttct 300

tcaatacaaa atgagataat aggggttgga aggaaaacct tcaagaccta tggaaagtcag 360

ttgcagccag ctcatcacat agaggtgcag gtgaggtgta tttcatcac ggtggaaaat 420

tctggctgct tcatctccat ctctagagcc aatattggag ctttcaata aaagct atg 479

Met

1

gcc tca acc acc agc acc aag aag atg atg gag gaa gcc acc tgc tcc 527

Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys Ser

5

10

15

atc tgc ctg agc ctg atg acg aac cca gta agc atc aac tgt gga cac 575

Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly His

20

25

30

agc tac tgc cac ttg tgt ata aca gac ttc ttt aaa aac cca agc caa 623

Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser Gln

35

40

45

aag caa ctg agg cag gag aca ttc tgc tgt ccc cag tgt cgg gct cca 671

Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala Pro

50

55

60

65

ttt cat atg gat agc ctc cga ccc aac aag cag ctg gga agc ctc att 719

Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu Ile

70

75

80

gaa gcc ctc aaa gag acg gat caa gaa atg tca tgt gag gaa cac gga 767

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly

85

90

95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815

Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp

100

105

110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863

Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val

115

120

125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag aaa gct gtg aca 911

Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val Thr

130

135

140

145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959
 Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr
 150 155 160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007
 Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln
 165 170 175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055
 Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu
 180 185 190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103
 Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu
 195 200 205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151
 Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu
 210 215 220 225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199
 Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala
 230 235 240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247
 Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala
 245 250 255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295

Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met

260

265

270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343

Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser

275

280

285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391

His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu

290

295

300

305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439

Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu

310

315

320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggg tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

370

375

380

385

agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679

Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr

390,

395

400

tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727

Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp

405

410

415

tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775

Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His

420

425

430

atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823

Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr

435

440

445

ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871

Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp

450

455

460

465

taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931

taagggcag

1940

<210> 101

<211> 685

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 101

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser Thr Lys
 1 5 10 15

Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser Lys Lys
 20 25 30

Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln Ser Gln
 35 40 45

Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His Ser His
 50 55 60

Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr Gly Lys
 65 70 75 80

Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Gly Phe Ala Lys Cys
 85 90 95

Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala Lys Ile
 100 105 110

Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys Ile Asp
 115 120 125

Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val Val Gln

130

135

140

Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu Leu Glu

145

150

155

160

Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg Lys Val

165

170

175

Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val Ser Gly

180

185

190

Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu Lys Leu

195

200

205

Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly Asp Phe

210

215

220

Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg Thr Ile

225

230

235

240

Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys Gln Gly

245

250

255

His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met Tyr Thr

260

265

270

Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys Glu Thr

275

280

285

Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser Leu Leu

290 295 300

Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn Pro Glu

305 310 315 320

Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe Leu Gln

325 330 335

Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Cys Cys His Thr Val Pro

340 345 350

Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys Ala Ala

355 360 365

Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile Asp Thr

370 375 380

His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu Arg His

385 390 395 400

Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His Arg Thr

405 410 415

Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Val Ala Arg Ser Gly Thr

420 425 430

Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg Met Ile

435 440 445

Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Glu Cys Leu Glu

450 455 460

Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val Leu Arg

465 470 475 480

Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys Glu Gln

485 490 495

Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr Ser Asn

500 505 510

Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly Val Leu

515 520 525

Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys Thr Val

530 535 540

His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala Thr Asp

545 550 555 560

Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr Phe Ser

565 570 575

His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro Ser Val

580 585 590

Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu Lys Ser

595

600

605

Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln Val Asn

610

615

620

Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn Glu Glu

625

630

635

640

Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr Phe Arg

645

650

655

Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys Asn Arg

660

665

670

Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn

675

680

685

<210> 102

<211> 2783

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (128)..(2182)

<400> 102

gcacaagtgg accggggtgt tgggtgctag tcggcaccag aggcaagggt gcgaggacca 60

cggccggctc ggacgtgtga ccgcgcctag ggggtggcag cggcagtgc gggcggcaa 120

ggcgacc atg gag ctt ttg cgg act atc acc tac cag cca gcc gcc agc 169

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser

1 5 10

acc aaa atg tgc gag cag gcg ctg ggc aag ggt tgc gga gca gac tcg 217

Thr Lys Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser

15 20 25 30

aag aag aag cgg ccg cag ccc ccc gag gaa tcg cag cca cct cag 265

Lys Lys Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln

35 40 45

tcc cag gcg caa gtg ccc ccg gcg gcc cct cac cac cat cac cac cat 313

Ser Gln Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His

50 55 60

tcg cac tcg ggg ccg gag atc tcg ccg att atc gtc gac ccc acg act 361

Ser His Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr

65 70 75

ggg aag cgc tac tgc cgg ggc aaa gtg ctg gga aag ggt ggc ttt gca 409

Gly Lys Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Phe Ala

80 85 90

aaa tgt tac gag atg aca gat ttg aca aat aac aaa gtc tac gcc gca 457

Lys Cys Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala

95

100

105

110

aaa att att cct cac agc aga gta gct aaa cct cat caa agg gaa aag 505

Lys Ile Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys

115

120

125

att gac aaa gaa ata gag ctt cac aga att ctt cat cat aag cat gta 553

Ile Asp Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val

130

135

140

gtg cag ttt tac cac tac ttc gag gac aaa gaa aac att tac att ctc 601

Val Gln Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu

145

150

155

ttg gaa tac tgc agt aga agg tca atg gct cat att ttg aaa gca aga 649

Leu Glu Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg

160

165

170

aag gtg ttg aca gag cca gaa gtt cga tac tac ctc agg cag att gtg 697

Lys Val Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val

175

180

185

190

tct gga ctg aaa tac ctt cat gaa caa gaa atc ttg cac aga gat ctc 745

Ser Gly Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu

195

200

205

aaa cta ggg aac ttt ttt att aat gaa gcc atg gaa cta aaa gtt ggg 793

Lys Leu Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly

210

215

220

gac ttc ggt ctg gca gcc agg cta gaa ccc ttg gaa cac aga agg aga 841
 Asp Phe Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg

225 230 235

acg ata tgt ggt acc cca aat tat ctc tct cct gaa gtc ctc aac aaa 889
 Thr Ile Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys

240 245 250

caa gga cat ggc tgt gaa tca gac att tgg gcc ctg ggc tgt gta atg 937
 Gln Gly His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met
 255 260 265 270

tat aca atg tta cta ggg agg ccc cca ttt gaa act aca aat ctc aaa 985
 Tyr Thr Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys
 275 280 285

gaa act tat agg tgc ata agg gaa gca agg tat aca atg ccg tcc tca 1033
 Glu Thr Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser
 290 295 300

ttg ctg gct cct gcc aag cac tta att gct agt atg ttg tcc aaa aac 1081
 Leu Leu Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn
 305 310 315

cca gag gat cgt ccc agt ttg gat gac atc att cga cat gac ttt ttt 1129
 Pro Glu Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe
 320 325 330

ttg cag ggc ttc act ccg gac aga ctg tct tct agc tgt tgt cat aca 1177
 Leu Gln Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Ser Cys Cys His Thr
 335 340 345 350

gtt cca gat ttc cac tta tca agc cca gct aag aat ttc ttt aag aaa 1225
 Val Pro Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys
 355 360 365

gca gct gct ctt ttt ggt ggc aaa aaa gac aaa gca aga tat att 1273
 Ala Ala Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile
 370 375 380

gac aca cat aat aga gtg tct aaa gaa gat gaa gac atc tac aag ctt 1321
 Asp Thr His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu
 385 390 395

agg cat gat ttg aaa aag act tca ata act cag caa ccc agc aaa cac 1369
 Arg His Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His
 400 405 410

agg aca gat gag gag ctc cag cca cct acc acc aca gtt gcc agg tct 1417
 Arg Thr Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Val Ala Arg Ser
 415 420 425 430

gga aca ccc gca gta gaa aac aag cag cag att ggg gat gct att cgg 1465
 Gly Thr Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg
 435 440 445

atg ata gtc aga ggg act ctt ggc agc tgt agc agc agt gaa tgc 1513

Met Ile Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Glu Cys

450 455 460

ctt gaa gac agt acc atg gga agt gtt gca gac aca gtg gca agg gtt 1561

Leu Glu Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val

465 470 475

ctt cgg gga tgt ctg gaa aac atg ccg gaa gct gat tgc att ccc aaa 1609

Leu Arg Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys

480 485 490

gag cag ctg agc aca tca ttt cag tgg gtc acc aaa tgg gtt gat tac 1657

Glu Gln Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr

495 500 505 510

tct aac aaa tat ggc ttt ggg tac cag ctc tca gac cac acc gtc ggt 1705

Ser Asn Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly

515 520 525

gtc ctt ttc aac aat ggt gct cac atg agc ctc ctt cca gac aaa aaa 1753

Val Leu Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys

530 535 540

aca gtt cac tat tac gca gag ctt ggc caa tgc tca gtt ttc cca gca 1801

Thr Val His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala

545 550 555

aca gat gct cct gag caa ttt att agt caa gtg acg gtg ctg aaa tac 1849

Thr Asp Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr

560

565

570

ttt tct cat tac atg gag gag aac ctc atg gat ggt gga gat ctg cct 1897

Phe Ser His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro

575 580 585 590

agt gtt act gat att cga aga cct cgg ctc tac ctc ctt cag tgg cta 1945

Ser Val Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu

595 600 605

aaa tct gat aag gcc cta atg atg ctc ttt aat gat ggc acc ttt cag 1993

Lys Ser Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln

610 615 620

gtg aat ttc tac cat gat cat aca aaa atc atc atc tgt agc caa aat 2041

Val Asn Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn

625 630 635

gaa gaa tac ctt ctc acc tac atc aat gag gat agg ata tct aca act 2089

Glu Glu Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr

640 645 650

ttc agg ctg aca act ctg ctg atg tct ggc tgt tca tca gaa tta aaa 2137

Phe Arg Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys

655 660 665 670

aat cga atg gaa tat gcc ctg aac atg ctc tta caa aga tgt aac 2182

Asn Arg Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn

675 680 685

tgaaagactt ttcgaatgga ccctatggga ctcctttt ccactgttag atctacaggg 2242

aacccaaaag aatgatctag agtatgttga agaagatgga catgtggtgg tacgaaaaca 2302

attcccctgt ggcctgctgg actgggtgg accagaacag gctaaggcat acagttctt 2362

actttggaca atccaagagt gaaccagaat gcagtttcc ttgagatacc tgttttaaaa 2422

ggttttcag acaattttgc agaaaggtgc attgattctt aaattctctc tggagagac 2482

attcagcca gaggacttg gaactgtgaa tatacttcct gaaggggagg gagaagggag 2542

gaagctccc tgggtttaa aggctgtaat tggagcagct ttggctgct taactgtgaa 2602

ctatggccat atataatttt ttttcatcaa ttttgaaga tacttgtggc tggaaaagt 2662

cattccttgt taataaactt tttatattt acagccaaa gagcagtatt tattatcaa 2722

atgtctttt ttttatgttg accatTTAA accgttggca ataaagagta tggaaaacgca 2782

g 2783

<210> 103

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 103

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1

5

10

15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20

25

30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35

40

45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50

55

60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr

65

70

75

80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met Cys Cys

85

90

95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100

105

110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115

120

125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130

135

140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145

150

155

160

Leu

<210> 104

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

<400> 104

cctttctcg gggcgcccg a g g c a g c t c a g a c c t c c c g g c t c g a c a g g c g g c g c g g g c 60

g g c g g t a a a a t g t c g g t t c c a g g a c c t t a c c a g g c g c a c t g g g c c t t c c 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

t c a g c a c c a t c c g c a c c t c c a t c c t a t g a a g a g a c a g t g g c t g t t a a c 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

a g t t a t c c c a c a c c t c c a g c t c c c a t g c c t g g g c c a a c t a c g g g g 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255
 Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr
 50 55 60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303
 Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr
 65 70 75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct atc caa atg 351
 Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met
 80 85 90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399
 Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn
 95 100 105 110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447
 Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Gly
 115 120 125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495
 Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln
 130 135 140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543
 Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr
 145 150 155

aag cgt ttg taggacttag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592

Lys Arg Leu

160

aagtccttc cacctctcat ccagcttcac gcctggtgga gttctgccc tggtgtctc 652

acctctccag gggccacc ttcatgtctt ctttgggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aatctccaa accccagaaa ttgctgctt gagtcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

ccctttagtg tcagttcac ggttcctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctcttttc 892

ctgctccat gggccttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccatttt 952

ttgaggctgt tctgcccaga gctcggctga accagcctt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctttc ccgtccctga tgacaaagat cttgccttac agacttaca ggcttggctt 1072

tgagattctg taactgcaga cttcattagc acacagattc acttaattt ctaattttt 1132

ttttaaata caaggaggg gctattaaca cccagtagac acatatccac aaggtcgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgccc tgtctccct tgggtctctg 1252

tgccagatct tcagtcccc tttccataca gggattttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagtttt atgacccct tttggctga aatacttcg aacagaattt ctttttta 1372

aaaaaaaaaca gagatgggtt ctactatgt tgcccaggct ggtgtcgaac tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaaag tgctgggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tgggcctgaa cataattca agaggaggat ttataaaacc atttctgta atcaaatgat 1552

tggtgtcatt ttcccatgg ccaatgttagt ctcactt 1589

<210> 105

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 105

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1

5

10

15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20

25

30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35

40

45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50

55

60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr

65

70

75

80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met Cys Cys

85

90

95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100

105

110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115

120

125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130

135

140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145

150

155

160

Leu

<210> 106

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

<400> 106

cctttctcg gggcgcccga aggccagctc agacctcccg gctcgacagg cggcgccggc 60

ggcggtaaa atg tcg gtt cca gga cct tac cag gcg gcc act ggg cct tcc 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

tca gca cca tcc gca cct cca tcc tat gaa gag aca gtg gct gtt aac 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

agt tat tac ccc aca cct cca gct ccc atg cct ggg cca act acg ggg 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255

Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr

50

55

60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303

Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr

65

70

75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct gtc caa atg 351

Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met

80

85

90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399

Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn

95

100

105

110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447

Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly

115

120

125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495

Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln

130

135

140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543

Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr

145

150

155

aag cgt ttg taggacttag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592

Lys Arg Leu

160

aagtcctttc cacctctcat ccagcttac gcctgggtgga ggttctgccc tggtggtctc 652

acctctccag ggggccccacc ttcatgtctt cttttggggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aaatctccaa accccagaaa ttgctgcttg gagtcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

cccttgagtg tcagttccac ggtttccctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctctttttc 892

ctgcttccat gggcctttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccttattt 952

ttgaggctgt tctgccaga gctcggctga accagcctt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctcttc ccgtccctga tgacaaagat cttgccttac agactttaca ggcttggctt 1072

tgagattctg taactgcaga cttcatttagc acacagattc actttaattt cttaattttt 1132

ttttaaata caaggagggg gctattaaca cccagtacag acatatccac aaggtcgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgccc tgtctccct tggggctctg 1252

tgcagatct tcagtcccc tttccataca gggattttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagttttt atgacccctt tttggtctga aatacttcg aacagaattt ctttttta 1372

aaaaaaaaaca gagatggggt cttaatgt tgcccaggct ggtgtcgAAC tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaag tgctggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tggcctgaa cataattca agaggaggat ttataaaacc atttctgtatcaaatgtat 1552

tgggtcatt ttcccatgg ccaatgttgt ctcactt 1589

<210> 107

<211> 249

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 107

Met Ala Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val

1

5

10

15

Leu Asp Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val

20

25

30

Val Thr Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys

35

40

45

Phe Lys Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn

50

55

60

Ser Gly Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu

65

70

75

80

Gln Pro Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met

85

90

95

Val Gln Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val

100

105

110

Trp Lys Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys

115

120

125

Val Phe Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro

130

135

140

Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro
 145 150 155 160

Lys Pro His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met
 165 170 175

Glu Glu Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu
 180 185 190

Asn Arg His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His
 195 200 205

Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val
 210 215 220

Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile
 225 230 235 240

Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu
 245

<210> 108

<211> 1595

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (232)..(978)

<400> 108

agtgcgcgtg gccgtggcgg ctggtgtgg gttgagtcag ttgtgggacc cggagctgct 60

gacccagcgg gtggcccacc gaaccggta cacagcggca ggcgttaggg ctcgggagcc 120

gcgagcctgg cctcgctcta gagctcgccc gagccgtcgc cgccgtcgtc ccccgcccc 180

agttagcaaa ccgcccgcgc gggcgcgccc ccgcctgtcg ctgtctctcc g atg gct 237

Met Ala

1

tcc gcc tca ggg gcc atg gct aag cac gag cag atc ctg gtc ctc gat 285

Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val Leu Asp

5

10

15

ccg ccc aca gac ctc aaa ttc aaa ggc ccc ttc aca gat gta gtc act 333

Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val Val Thr

20

25

30

aca aat ctt aaa ttg cga aat cca tcg gat aga aaa gtg tgt ttc aaa 381

Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys Phe Lys

35

40

45

50

gtg aag act aca gca cct cgc cgg tac tgt gtg agg ccc aac agt gga 429

Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn Ser Gly

55

60

65

att att gac cca ggg tca act gtg act gtt tca gta atg cta cag ccc 477
 Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu Gln Pro
 70 75 80

ttt gac tat gat ccg aat gaa aag agt aaa cac aag ttt atg gta cag 525
 Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met Val Gln
 85 90 95

aca att ttt gct cca cca aac act tca gat atg gaa gct gtg tgg aaa 573
 Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val Trp Lys
 100 105 110

gag gca aaa cct gat gaa tta atg gat tcc aaa ttg aga tgc gta ttt 621
 Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe
 115 120 125 130

gaa atg ccc aat gaa aat gat aaa ttg aat gat atg gaa cct agc aaa 669
 Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys
 135 140 145

gct gtt cca ctg aat gca tct aag caa gat gga cct atg cca aaa cca 717
 Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro
 150 155 160

cac agt gtt tca ctt aat gat acc gaa aca agg aaa cta atg gaa gag 765
 His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu
 165 170 175

tgt aaa aga ctt cag gga gaa atg atg aag cta tca gaa gaa aat cgg 813

Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg

180 185 190

cac ctg aga gat gaa ggt tta agg ctc aga aag gta gca cat tcg gat 861

His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp

195 200 205 210

aaa cct gga tca acc tca act gca tcc ttc aga gat aat gtc acc agt 909

Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser

215 220 225

cct ctt cct tca ctt ctt gtt gta att gca gcc att ttc att gga ttc 957

Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe

230 235 240

ttt cta ggg aaa ttc atc ttg tagagtgaag catgcagagt gctgtttctt 1008

Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu

245

ttttttttt tctcttgacc agaaaaagat ttgtttacct accattcat tggttagtatg 1068

gccccacggtg accattttt tgtgtgtaca gcgtcatata ggctttgcct ttaatgatct 1128

cttacggta gaaaacacaa taaaaacaaa ctgttcggct actggacagg ttgtatatta 1188

ccagatcatc actagcagat gtcagttgca cattgagtcc tttatgaaat tcataaataa 1248

agaattgttc tttcttgcg gtttaataa gagttcaaga attgttcaga gtcttgtaaa 1308

tgttattta ataatccctt taaatttat ctgttgctgt tacctttga aataatgattt 1368

attagattt gtaatcccac tcattcagga aatgccaaga ggtattcctt gggaaatgg 1428

tgccctttac agtgtaaatt tttccctt tacctttgct aatatcatgg cagaattttt 1488

cattatccctt gtgaggcagt tgttgactga gttttcatc cttacaatcc tgtcccatgg 1548

tatthaacat aaaaaaaaaat aaaactgtta acagattctt gctcgat 1595

<210> 109

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 109

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1

5

10

15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20

25

30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35

40

45

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln

50

55

60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser

65 70 75 80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu

85 90 95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro

100 105 110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu

115 120 125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser

130 135 140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp

145 150 155 160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn

165 170 175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro

180 185 190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu

195 200 205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg

210 215 220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala
 225 230 235 240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His
 245 250 255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu
 260 265 270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln
 275 280 285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro
 290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser
 305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu
 325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly
 340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys
 355 360 365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys

370

375

380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala

385

390

395

400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg

405

410

415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu

420

425

430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg

435

440

445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu

450

455

460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp

465

470

475

480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val

485

490

495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly

500

505

510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly

515

520

525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

530 535 540

<210> 110

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102)..(1721)

<400> 110

aaccgttaaca gccaccagac aagcttcagt ggccggccct tcacatccag acttgcctga 60

gaggacccac ctctgagtgt ccagtggtca gttccccag g atg ggg acc aca gcc 116

Met Gly Thr Thr Ala

1 5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164

Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser

10 15 20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212

Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25 30 35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg

40	45	50
----	----	----

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308

Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe

55	60	65
----	----	----

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356

Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro

70	75	80	85
----	----	----	----

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404

Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu

90	95	100
----	----	-----

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452

Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu

105	110	115
-----	-----	-----

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500

Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro

120	125	130
-----	-----	-----

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548

Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln

135	140	145
-----	-----	-----

cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596

His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

150

155

160

165

ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc 644

Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys

170

175

180

ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag 692

Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln

185

190

195

tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg 740

Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu

200

205

210

gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc 788

Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg

215

220

225

cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt 836

Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys

230

235

240

245

gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg 884

Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg

250

255

260

cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca 932

Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro

265

270

275

cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980

His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser

280

285

290

ggc ctt gag ctg cct ttc cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028

Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile

295

300

305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076

Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu

310

315

320

325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124

Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu

330

335

340

gag agg gag ttc cag cgc tgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172

Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys

345

350

355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220

Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu

360

365

370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375

380

385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316
 Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr
 390 395 400 405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc ggt cga gtc acc ccc aac ctc 1364
 Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg Val Thr Pro Asn Leu
 410 415 420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412
 Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His
 425 430 435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460
 Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro
 440 445 450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508
 Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile
 455 460 465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556
 Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu
 470 475 480 485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604
 Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile
 490 495 500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa tgagtacacc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tgggggaaac cccaccctgc cccacccatc tgaacactca ttacactaaa cacctttt 1810

<210> 111

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 111

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1

5

10

15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20

25

30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35

40

45

特2001-088912

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln

50 55 60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser

65 70 75 80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu

85 90 95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro

100 105 110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu

115 120 125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser

130 135 140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp

145 150 155 160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn

165 170 175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro

180 185 190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu

195 200 205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg

210 215 220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala

225 230 235 240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His

245 250 255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu

260 265 270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln

275 280 285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro

290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser

305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu

325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly

340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys

355

360

365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys

370

375

380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala

385

390

395

400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg

405

410

415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu

420

425

430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg

435

440

445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu

450

455

460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp

465

470

475

480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val

485

490

495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly

500

505

510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly

515

520

525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

530

535

540

<210> 112

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102)..(1721)

<400> 112

aaccgtaaca gccaccagac aagttcagt ggccggccct tcacatccag acttgcctga 60

gaggaccac ctctgagtgt ccagtggtca gttccccag g atg ggg acc aca gcc 116

Met Gly Thr Thr Ala

1

5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164

Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser

10

15

20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212

Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25

30

35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg

40

45

50

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308

Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe

55

60

65

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356

Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro

70

75

80

85

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404

Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu

90

95

100

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452

Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu

105

110

115

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500

Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro

120

125

130

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548

Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln

135

140

145

cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596

His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

150 155 160 165

ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc 644

Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys

170 175 180

ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag 692

Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln

185 190 195

tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg 740

Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu

200 205 210

gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc 788

Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg

215 220 225

cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt 836

Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys

230 235 240 245

gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg 884

Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg

250 255 260

cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca 932
 Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro
 265 270 275

cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980
 His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser
 280 285 290

ggt ctt gag ctg cct ttc cct cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028
 Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile
 295 300 305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076
 Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu
 310 315 320 325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124
 Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu
 330 335 340

gag agg gag ttc cag cgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172
 Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys
 345 350 355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220
 Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu
 360 365 370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375 380 385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316

Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr

390 395 400 405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc agt cga gtc acc ccc aac ctc 1364

Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg Val Thr Pro Asn Leu

410 415 420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412

Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His

425 430 435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460

Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro

440 445 450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508

Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile

455 460 465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556

Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu

470 475 480 485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604

Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile

490

495

500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa tgagtccatc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tgggggaaac cccaccctgc cccacccatc tgaacactca ttacactaaa caccttttg 1810

<210> 113

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 113

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala

1

5

10

15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe

20

25

30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu

35 40 45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val

50 55 60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu

65 70 75 80

Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val

85 90 95

Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu

100 105 110

Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys

115 120 125

Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys

130 135 140

Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu

145 150 155 160

Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile

165 170 175

Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys

180 185 190

Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile

195 200 205

Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn

210 215 220

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val

225 230 235 240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro

245 250 255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser

260 265 270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu

275 280 285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln

290 295 300

Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met

305 310 315 320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp

325 330 335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu

340

345

350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser

355

360

365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile

370

375

380

<210> 114

<211> 3074

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1346)

<400> 114

aactttacg aggtatcagc actttcttt cattaggggg aaggcgttag gaaagtacca 60

aacagcagcg gagtttaaaa cttaaatag acaggtctga gtgcctgaac ttgcctttc 120

atttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac tttaagcaa 180

aagagtggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1

5

10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281
 Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser
 15 20 25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329
 Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser
 30 35 40

gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377
 Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro
 45 50 55

ggt tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425
 Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val
 60 65 70 75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473
 Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu
 80 85 90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521
 Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn
 95 100 105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569
 Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val
 110 115 120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617

Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125 130 135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665

Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140 145 150 155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg 713

Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu

160 165 170

atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc 761

Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys

175 180 185

aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc 809

Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro

190 195 200

acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg 857

Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val

205 210 215

tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc 905

Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly

220 225 230 235

gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt 953

Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser

240	245	250	
ggt gcg ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat 1001			
Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr			
255	260	265	
ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc ctc tcg cct atg tct cct 1049			
Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro			
270	275	280	
cct ggg tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc 1097			
Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg			
285	290	295	
aat tac aac aag caa gca agt gag caa acc tgg gct aat tac agt gca 1145			
Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala			
300	305	310	315
gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat 1193			
Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His			
320	325	330	
gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta 1241			
Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu			
335	340	345	
gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct 1289			
Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro			
350	355	360	

tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc cct cgg cct gat gac 1337

Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp

365

370

375

ctg gag atc tagatacagg cttgaaagca tcaagattcc actcaattgt 1386

Leu Glu Ile

380

ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtgc accaggtgtt aattttgatc cggtggaggt 1446

ggtaactcaac agccttattc atgaggctta gaaaaacacaa agacattaga ataccttaggt 1506

tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agagggaggg gataagagag gtgcattttg 1566

gtattnaaag tagtgattc aaagaactta gattataat aagagtcca ttaggtata 1626

catagataag ggcttttct ccccgcaaac accctaaga atggttctgt gtatgtaat 1686

gagcgggtgg taatttgtgc taaatatttt tgtttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtctttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccctgctaaa acattccatt gttaaaattt gcactttgaa ggtaagctt 1866

ctaggcctga ccctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atatttttt attcttgta 1926

tcagttaaa attcagacaa ggcccacaga ataagattt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattccttag 2046

ctactactca cattcattta atgggttcgt taaacatttt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt tttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata ttaacaatc 2166

acttatatgt gtgtcgaga gtttgtttg tttgtcatgt attggtaaca gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga tttgaaaata atgcacatata ggtgttcaa ttgaacctt 2286

tctcatggat ttttgtggtg tggccaata tggtgttac attatataat tcctgctgtg 2346

gcaagtaaag cacactttt tttctccta aaatgtttt ccctgtgtat cctattatgg 2406

atactggttt tgttaattat gattctttat tttctctcct ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac tgaaatgaat ttccttttc tgaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaattttagt actgtaaaca ggctttagtc attaatgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga atttgcagt aactggattt ctgggttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta ttagtttagc agtctttgg 2706

agtgaccagc aactttgatg tttgcactaa gattttattt ggaatgcaag agaggtgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatggaaac tataatgtga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgccttt tttaaaactc atcacagaag attggtaaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcata gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttgtt tgacattcca tggtaaacta cggtcatgtt cagtttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc tttattcaat aaagttttaa 3066

tttagtat 3074

<210> 115

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 115

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala

1

5

10

15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe

20

25

30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu

35

40

45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val

50

55

60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu

65

70

75

80

Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val

85

90

95

Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu

100

105

110

Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys

115

120

125

Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys

130

135

140

Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu

145

150

155

160

Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile

165

170

175

Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys

180

185

190

Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile

195

200

205

Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn

210

215

220

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val
 225 230 235 240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro
 245 250 255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser
 260 265 270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu
 275 280 285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln
 290 295 300

Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met
 305 310 315 320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp
 325 330 335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu
 340 345 350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser
 355 360 365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile
 370 375 380

<210> 116

<211> 3074

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1346)

<400> 116

aactttacg aggtatcagc actttcttt cattaggggg aaggcgttag gaaagtacca 60

aacagcagcg gagtttaaa cttaaatag acaggtctga gtgcctgaac ttgcctttc 120

atttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac tttaagcaa 180

aagagtggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1

5

10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281

Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser

15

20

25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329

Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser

30

35

40

gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377

Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro

45 50 55

ggt tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425

Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val

60 65 70 75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473

Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu

80 85 90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521

Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn

95 100 105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569

Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val

110 115 120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617

Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125 130 135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665

Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140 145 150 155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg	713		
Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu			
160	165	170	
atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc	761		
Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys			
175	180	185	
aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc	809		
Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro			
190	195	200	
acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg	857		
Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val			
205	210	215	
tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc	905		
Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly			
220	225	230	235
gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt	953		
Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser			
240	245	250	
ggt gcg ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat	1001		
Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr			
255	260	265	
ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc ctc tcg cct atg tct cct	1049		

Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro

270

275

280

cct ggg tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc 1097

Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg

285

290

295

aat tac aac aag caa gca agt gag caa aac tgg gct aat tac agt gca 1145

Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala

300

305

310

315

gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat 1193

Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His

320

325

330

gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta 1241

Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu

335

340

345

gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct 1289

Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro

350

355

360

tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc aga cct cgg cct gat gac 1337

Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp

365

370

375

ctg gag atc tagatacagg cttgaaagca tcaagattcc actcaattgt 1386

Leu Glu Ile

380

ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtgc accaggtgtt aattttgatc cggtggaggt 1446

ggtaactcaac agccttattc atgaggctt gaaaacacaa agacattaga ataccttagt 1506

tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agagggaggg gataagagag gtgcattgtt 1566

gtatttaaag tagtgattc aaagaactt gattataat aagagtccat ttaggtgata 1626

catagataag ggcttttct ccccgcaaac acccctaaga atggttctgt gtatgtgaat 1686

gagcgggtgg taatttgtgc taaatatttt tgtttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtctttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccctgctaaa acattccatt gttaaaattt gcactttgaa ggtaagctt 1866

ctaggcctga ccctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atatttttt attcttggt 1926

tcagttaaa attcagacaa ggcccacaga ataagattt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattcctcag 2046

ctactactca cattcatta atggttctg taaacattt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt tttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata tttaacaatc 2166

acttatatgt gtgtcgaaga gtttggggc tttgtcatgt attggtaaca gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga ttgaaaata atgcacatat ggtgttcaa ttgaacctt 2286

tctcatggat ttttgttg tgcccaata tggtgttac attatataat tcctgctgtg 2346

gcaagtaaag cacactttt ttttccta aaatgtttt ccctgttat cctattatgg 2406

atactggttt tgttaattat gattcttat ttctctcct ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac taaaatgaat tcccttttc taaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaattttagt actgtaaaca ggctttagtc attaatgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga attttgcagt aactggattt ctgggtttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta tggatgtgc agtctttgg 2706

agtgaccagg aactttgatg ttgcactaa gattttattt ggaatgcaag agaggttgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatttgaac tatatgttga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgcctt tttaaaactc atcacagaag attgggtgaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcat gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttgtt tgacattcca tggtaaacta cggtcatgtt cagtttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc tttattcaat aaagttttaa 3066

tttagtat

3074

<210> 117

<211> 398

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 117

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1 5 10 15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20 25 30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35 40 45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50 55 60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65 70 75 80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly

85 90 95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg

100 105 110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn

115 120 125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe

130 135 140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala

145 150 155 160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn

165 170 175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val

180 185 190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu

195 200 205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr

210 215 220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala

225 230 235 240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu

245 250 255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr

260

265

270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg

275

280

285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro

290

295

300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg

305

310

315

320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr

325

330

335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu

340

345

350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala

355

360

365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Lys Leu Asn Ile

370

375

380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu

385

390

395

<210> 118

<211> 2054

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 118

cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttggagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc ctc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg gga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu

15

20

25

gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207

Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr

30

35

40

gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct ggc acc atg 255

Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met

45

50

55

60

gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag 303

Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys

65

70

75

gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag 351

Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu

80

85

90

gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca 399

Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala

95

100

105

gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg 447

Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met

110

115

120

aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt 495

Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe

125 130 135 140

ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga 543

Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg

145

150

155

agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc 591

Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr

160

165

170

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639

Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile

175

180

185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687
 Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser
 190 195 200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735
 Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu
 205 210 215 220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783
 Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr
 225 230 235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831
 Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys
 240 245 250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879
 Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu
 255 260 265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927
 Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg
 270 275 280

gcc ctc aga cga gcc aga gcc aat ctt cag tca gta ccg cat gcc tca 975
 Ala Leu Arg Arg Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser
 285 290 295 300

gcc tca cgc ccc cgg gtc act gag cca atc tca gct gaa agc ggt gaa 1023

Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu

305

310

315

cag gtg gag aga gtt aat gaa ccc agc atc ctg gaa atg agc aga gga 1071

Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly

320

325

330

gtc aag ctc acg gat gtg gcc cct gta agc ttc ttt ctt gtg ctg gat 1119

Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp

335

340

345

gta gtc tac ctc gtg tac gaa tca aag cac tta cat gag ggg gca aag 1167

Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys

350

355

360

tca gag aca gct gag gag ctg aag aag gtg gct cag gag ctg gag gag 1215

Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu

365

370

375

380

aag cta aac att ctc aac aat aat tat aag att ctg cag gcg gac caa 1263

Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln

385

390

395

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcaggggcc 1319

Glu Leu

ggacaaaatg caaactttt tttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatcgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcgtga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccaggaaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag tttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaaca gcggctccac tacagaccca gccccaggtt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtcttccc tggtgatggt cccctgcct gtcttccag catccactct 1679

cccttgcct cctggggca tatctcagtc aggcatggc ttcctgatga tggtcggtgg 1739

ggtggttgc atgtgatggg tcccctccag gttactaaag ggtgcgtgc ccctgcttga 1799

acactgaagg gcaggtggtg agccatggcc atggtccccca gctgaggagc aggtgtccct 1859

gagaacccaa acttccaga gagtatgiga gaaccaacca atgaaaacag tc(ccatcgct 1919

cttaccgggt aagtaaacag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979

gctcagatct ctagagctgt ctgtccccg cccaggattg acctgtgtaa gtcccaataa 2039

actcacctac tcatac 2054

<210> 119

<211> 398

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 119

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1

5

10

15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20

25

30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35

40

45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50

55

60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65

70

75

80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly

85

90

95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg

100

105

110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn

115

120

125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe

130

135

140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala

145

150

155

160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn

165

170

175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val

180

185

190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu

195

200

205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr

210

215

220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala

225

230

235

240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu

245

250

255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr

260

265

270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg

275

280

285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro

290

295

300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg
 305 310 315 320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr
 325 330 335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu
 340 345 350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala
 355 360 365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Lys Leu Asn Ile
 370 375 380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu
 385 390 395

<210> 120

<211> 2054

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 120

cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttgagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc ctc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg aga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu

15

20

25

gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207

Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr

30

35

40

gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct gct ggc acc atg 255

Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met

45

50

55

60

gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag 303

Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys

65

70

75

gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag 351

Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu

80

85

90

gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca 399

Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala

95

100

105

gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg 447

Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met

110

115

120

aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt 495

Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe

125

130

135

140

ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga 543

Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg

145

150

155

agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc 591

Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr

160

165

170

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639

Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile

175

180

185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687

Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser

190

195

200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735

Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu

205

210

215

220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783
 Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr
 225 230 235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831
 Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys
 240 245 250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879
 Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu
 255 260 265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927
 Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg
 270 275 280

gcc ctc aga cga gcc aga gcc aat ctt cag tca gta ccg cat gcc tca 975
 Ala Leu Arg Arg Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser
 285 290 295 300

gcc tca cgc ccc cgg gtc act gag cca atc tca gct gaa agc ggt gaa 1023
 Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu
 305 310 315

cag gtg gag aga gtt aat gaa ccc agc atc ctg gaa atg agc aga gga 1071
 Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly
 320 325 330

gtc aag ctc acg gat gtg gcc cct gta agc ttc ttt ctt gtg ctg gat 1119

Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp

335

340

345

gta gtc tac ctc gtg tac gaa tca aag cac tta cat gag ggg gca aag 1167

Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys

350

355

360

tca gag aca gct gag gag ctg aag aag gtg gct cag gag ctg gag gag 1215

Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu

365

370

375

380

aag cta aac att ctc aac aat aat tat aag att ctg cag gcg gac caa 1263

Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln

385

390

395

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcagggccca 1319

Glu Leu

ggacaaaatg caaactttt tttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatcgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcttga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccagggaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag tttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaca gcggctccac tacagaccca gccccaggtt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtcttccc tggtgatggt cccctgccct gtcttccag catccactct 1679

cccttgcct cctggggca tatctcagtc aggcatggc ttccatgtga tggtcggtgg 1739

ggtggttgtc atgtgatggg tcccctccag gttactaaag ggtgcatttc ccctgcttga 1799

acactgaagg gcaggtggtg agccatggcc atggccccca gctgaggagc aggtgtccct 1859

gagaacccaa acttccaga gatgtatgtga gaaccaacca atgaaaacag tcccatcgct 1919

cttaccgggt aagtaaacag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979

gctcagatct ctagagctgt ctgtccccg cccaggattt acctgtgtaa gtcccaataa 2039

actcacctac tcatac 2054

<210> 121

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 121

Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe

1

5

10

15

Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu

20

25

30

Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys

35

40

45

Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val

50

55

60

Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp

65

70

75

80

Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala

85

90

95

Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu Leu Lys Leu Glu

100

105

<210> 122

<211> 1546

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (89)..(412)

<400> 122

actaggcaga gccgtggaac cgccgccagg tcgctgttgg tccacgcccgc ccgtcgcgcc 60

gccccccgc tcagcgtccg ccgccgcc atg gga gtg cag gtg gaa acc atc 112

Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile

1

5

tcc cca gga gac ggg cgcc acc ttc ccc aag cgcc ggc cag acc tgc gtg 160

Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val

10

15

20

gtg cac tac acc ggg atg ctt gaa gat gga aag aaa ttt gat tcc tcc 208

Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser

25

30

35

40

cgg gac aga aac aag ccc ttt aag ttt atg cta ggc aag cag gag gtg 256

Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val

45

50

55

atc cga ggc tgg gaa gaa ggg gtt gcc cag atg agt gtg ggt cag aga 304

Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg

60

65

70

gcc aaa ctg act ata tct cca gat tat gcc tat ggt gcc act ggg cac 352

Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His

75

80

85

cca ggc atc atc cca cca cat gcc act ctc gtc ttc gat gtg gag ctt 400

Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu

90

95

100

cta aaa ctg gaa tgacaggaat ggccctcctcc cttagctccc tgttcttgaa 452

Leu Lys Leu Glu

105

tctgccatgg agggatctgg tgcctccaga catgtgcaca tgaatccata tggagcttt 512

cctgatgttc cactccactt tgtatagaca tctgccctga ctgaatgtgt tctgtcactc 572

agctttgcit ccgacacaccc tggccctct tccccttct cctcgatgt gtgttacct 632

aaactatatg ccataaacct caagttactc attttatattt gtttcattt tgggtgaag 692

attcagttc agtctttgg atataggtt ccaattaagt acatggcaa gtattaacag 752

cacaagtggt aggttaacat tagaatagga attgggttg ggggggggt ttgcaagaat 812

attttatattt aatttttgg atgaaatttt tatctattat atattaaaca ttcttgctgc 872

tgcgctgcaa agccatagca gattgaggc gctgttgagg actgaattac tctccaagtt 932

gagagatgtc ttgggttaa attaaaagcc ctacctaataa ctgaggtggg gatggggaga 992

gccttgcct ccaccattcc cacccaccc ccccttaaac cctctgcctt taaaagtaga 1052

tcatgttcac tgcaatgctg gacactacag gtatctgtcc ctgggccagc agggacctct 1112

gaagccttct ttgtggcctt tttttttt tcatcctgtg gttttctaa tggactttca 1172

ggaattttgt aatctcataa ctttccaagc tccaccactt cctaaatctt aagaacttta 1232

attgacagtt tcaattgaag gtgctgttg tagacttaac acccagtcaa agccagcca 1292

tcatgacaaa tccttgaatg ttctctaag aaaatgatgc tggcatcgc agttcagca 1352

tctcctgttt tttgatgctt ggctccctct gctgatctca gtttcctggc tttcctccc 1412

tcagccccctt ctcaccctt tgctgtcctg tgttagtgatt tggtgagaaa tcgttgctgc 1472

accctccccc cagcaccatt tatgagtctc aagtttatt attgcaataa aagtgcctta 1532

tgccggcttt tctc 1546

<210> 123

<211> 679

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 123

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala Thr Ala Ala Ser Gly

1

5

10

15

Pro Leu Val Asp Tyr Leu Trp Met Leu Ile Leu Gly Phe Ile Ile Ala

20

25

30

Phe Val Leu Ala Phe Ser Val Gly Ala Asn Asp Val Ala Asn Ser Phe

35

40

45

Gly Thr Ala Val Gly Ser Gly Val Val Thr Leu Lys Gln Ala Cys Ile

50

55

60

Leu Ala Ser Ile Phe Glu Thr Val Gly Ser Val Leu Leu Gly Ala Lys

65 70 75 80

Val Ser Glu Thr Ile Arg Lys Gly Leu Ile Asp Val Glu Met Tyr Asn

85 90 95

Ser Thr Gln Gly Leu Leu Met Ala Gly Ser Val Ser Ala Met Phe Gly

100 105 110

Ser Ala Val Trp Gln Leu Val Ala Ser Phe Leu Lys Leu Pro Ile Ser

115 120 125

Gly Thr His Cys Ile Val Gly Ala Thr Ile Gly Phe Ser Leu Val Ala

130 135 140

Lys Gly Gln Glu Gly Val Lys Trp Ser Glu Leu Ile Lys Ile Val Met

145 150 155 160

Ser Trp Phe Val Ser Pro Leu Leu Ser Gly Ile Met Ser Gly Ile Leu

165 170 175

Phe Phe Leu Val Arg Ala Phe Ile Leu His Lys Ala Asp Pro Val Pro

180 185 190

Asn Gly Leu Arg Ala Leu Pro Val Phe Tyr Ala Cys Thr Val Gly Ile

195 200 205

Asn Leu Phe Ser Ile Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Leu Gly Phe Asp

210 215 220

Lys Leu Pro Leu Trp Gly Thr Ile Leu Ile Ser Val Gly Cys Ala Val
 225 230 235 240

Phe Cys Ala Leu Ile Val Trp Phe Phe Val Cys Pro Arg Met Lys Arg
 245 250 255

Lys Ile Glu Arg Glu Ile Lys Cys Ser Pro Ser Glu Ser Pro Leu Met
 260 265 270

Glu Lys Lys Asn Ser Leu Lys Glu Asp His Glu Glu Thr Lys Leu Ser
 275 280 285

Val Gly Asp Ile Glu Asn Lys His Pro Val Ser Glu Val Gly Pro Ala
 290 295 300

Thr Val Pro Leu Gln Ala Val Val Glu Glu Arg Thr Val Ser Phe Lys
 305 310 315 320

Leu Gly Asp Leu Glu Glu Ala Pro Glu Arg Glu Arg Leu Pro Ser Val
 325 330 335

Asp Leu Lys Glu Glu Thr Ser Ile Asp Ser Thr Val Asn Gly Ala Val
 340 345 350

Gln Leu Pro Asn Gly Asn Leu Val Gln Phe Ser Gln Ala Val Ser Asn
 355 360 365

Gln Ile Asn Ser Ser Gly His Tyr Gln Tyr His Thr Val His Lys Asp

370

375

380

Ser Gly Leu Tyr Lys Glu Leu Leu His Lys Leu His Leu Ala Lys Val

385

390

395

400

Gly Asp Cys Met Gly Asp Ser Gly Asp Lys Pro Leu Arg Arg Asn Asn

405

410

415

Ser Tyr Thr Ser Tyr Thr Met Ala Ile Cys Gly Met Pro Leu Asp Ser

420

425

430

Phe Arg Ala Lys Glu Gly Glu Gln Lys Gly Glu Glu Met Glu Lys Leu

435

440

445

Thr Trp Pro Asn Ala Asp Ser Lys Lys Arg Ile Arg Met Asp Ser Tyr

450

455

460

Thr Ser Tyr Cys Asn Ala Val Ser Asp Leu His Ser Ala Ser Glu Ile

465

470

475

480

Asp Met Ser Val Lys Ala Glu Met Gly Leu Gly Asp Arg Lys Gly Ser

485

490

495

Asn Gly Ser Leu Glu Glu Trp Tyr Asp Gln Asp Lys Pro Glu Val Ser

500

505

510

Leu Leu Phe Gln Phe Leu Gln Ile Leu Thr Ala Cys Phe Gly Ser Phe

515

520

525

Ala His Gly Gly Asn Asp Val Ser Asn Ala Ile Gly Pro Leu Val Ala

530 535 540

Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Thr Gly Asp Val Ser Ser Lys Val Ala Thr

545 550 555 560

Pro Ile Trp Leu Leu Leu Tyr Gly Gly Val Gly Ile Cys Val Gly Leu

565 570 575

Trp Val Trp Gly Arg Arg Val Ile Gln Thr Met Gly Lys Asp Leu Thr

580 585 590

Pro Ile Thr Pro Ser Ser Gly Phe Ser Ile Glu Leu Ala Ser Ala Leu

595 600 605

Thr Val Val Ile Ala Ser Asn Ile Gly Leu Pro Ile Ser Thr Thr His

610 615 620

Cys Lys Val Gly Ser Val Val Ser Val Gly Trp Leu Arg Ser Lys Lys

625 630 635 640

Ala Val Asp Trp Arg Leu Phe Arg Asn Ile Phe Met Ala Trp Phe Val

645 650 655

Thr Val Pro Ile Ser Gly Val Ile Ser Ala Ala Ile Met Ala Ile Phe

660 665 670

Arg Tyr Val Ile Leu Arg Met

675

<210> 124

<211> 2916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81)..(2117)

<400> 124

ttttgatac ctcatattct gttcacacat cttgaaaggc gctcagtagt tctcttacta 60

aacaaccact actccagaga atg gca acg ctg att acc agt act aca gct gct 113

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala

1

5

10

acc gcc gct tct ggt cct ttg gtg gac tac cta tgg atg ctc atc ctg 161

Thr Ala Ala Ser Gly Pro Leu Val Asp Tyr Leu Trp Met Leu Ile Leu

15

20

25

ggc ttc att att gca ttt gtc ttg gca ttc tcc gtg gga gcc aat gat 209

Gly Phe Ile Ile Ala Phe Val Leu Ala Phe Ser Val Gly Ala Asn Asp

30

35

40

gta gca aat tct ttt ggt aca gct gtg ggc tca ggt gta gtg acc ctg 257

Val Ala Asn Ser Phe Gly Thr Ala Val Gly Ser Gly Val Val Thr Leu

45

50

55

aag caa gcc tgc atc cta gct agc atc ttt gaa aca gtg ggc tct gtc	305		
Lys Gln Ala Cys Ile Leu Ala Ser Ile Phe Glu Thr Val Gly Ser Val			
60	65	70	75
tta ctg ggg gcc aaa gtg agc gaa acc atc cgg aag ggc ttg att gac	353		
Leu Leu Gly Ala Lys Val Ser Glu Thr Ile Arg Lys Gly Leu Ile Asp			
80	85	90	
gtg gag atg tac aac tcg actcaa ggg ctg ctg atg gcc ggc tca gtc	401		
Val Glu Met Tyr Asn Ser Thr Gln Gly Leu Leu Met Ala Gly Ser Val			
95	100	105	
agt gct atg ttt ggt tct gct gtg tgg caa ctc gtg gct tcg ttt ttg	449		
Ser Ala Met Phe Gly Ser Ala Val Trp Gln Leu Val Ala Ser Phe Leu			
110	115	120	
aag ctc cct att tct gga acc cat tgt att gtt ggt gca act att ggt	497		
Lys Leu Pro Ile Ser Gly Thr His Cys Ile Val Gly Ala Thr Ile Gly			
125	130	135	
ttc tcc ctc gtg gca aag ggg cag gag ggt gtc aag tgg tct gaa ctg	545		
Phe Ser Leu Val Ala Lys Gly Gln Glu Gly Val Lys Trp Ser Glu Leu			
140	145	150	155
ata aaa att gtg atg tct tgg ttc gtg tcc cca ctg ctt tct gga att	593		
Ile Lys Ile Val Met Ser Trp Phe Val Ser Pro Leu Leu Ser Gly Ile			
160	165	170	

atg tct gga att tta ttc ttc ctg gtt cgt gca ttc atc ctc cat aag 641
 Met Ser Gly Ile Leu Phe Phe Leu Val Arg Ala Phe Ile Leu His Lys
 175 180 185

gca gat cca gtt cct aat ggt ttg cga gct ttg cca gtt ttc tat gcc 689
 Ala Asp Pro Val Pro Asn Gly Leu Arg Ala Leu Pro Val Phe Tyr Ala
 190 195 200

tgc aca gtt gga ata aac ctc ttt tcc atc atg tat act gga gca ccg 737
 Cys Thr Val Gly Ile Asn Leu Phe Ser Ile Met Tyr Thr Gly Ala Pro
 205 210 215

ttg ctg ggc ttt gac aaa ctt cct ctg tgg ggt acc atc ctc atc tcg 785
 Leu Leu Gly Phe Asp Lys Leu Pro Leu Trp Gly Thr Ile Leu Ile Ser
 220 225 230 235

gtg gga tgt gca gtt ttc tgt gcc ctt atc gtc tgg ttc ttt gta tgt 833
 Val Gly Cys Ala Val Phe Cys Ala Leu Ile Val Trp Phe Phe Val Cys
 240 245 250

ccc agg atg aag aga aaa att gaa cga gaa ata aag tgt agt cct tct 881
 Pro Arg Met Lys Arg Lys Ile Glu Arg Glu Ile Lys Cys Ser Pro Ser
 255 260 265

gaa agc ccc tta atg gaa aaa aag aat agc ttg aaa gaa gac cat gaa 929
 Glu Ser Pro Leu Met Glu Lys Lys Asn Ser Leu Lys Glu Asp His Glu
 270 275 280

gaa aca aag ttg tct gtt ggt gat att gaa aac aag cat cct gtt tct 977

Glu Thr Lys Leu Ser Val Gly Asp Ile Glu Asn Lys His Pro Val Ser

285 290 295

gag gta ggg cct gcc act gtg ccc ctc cag gct gtg gtg gag gag aga 1025

Glu Val Gly Pro Ala Thr Val Pro Leu Gln Ala Val Val Glu Glu Arg

300 305 310 315

aca gtc tca ttc aaa ctt gga gat ttg gag gaa gct cca gag aga gag 1073

Thr Val Ser Phe Lys Leu Gly Asp Leu Glu Glu Ala Pro Glu Arg Glu

320 325 330

agg ctt ccc agc gtg gac ttg aaa gag gaa acc agc ata gat agc acc 1121

Arg Leu Pro Ser Val Asp Leu Lys Glu Glu Thr Ser Ile Asp Ser Thr

335 340 345

gtg aat ggt gca gtg cag ttg cct aat ggg aac ctt gtc cag ttc agt 1169

Val Asn Gly Ala Val Gln Leu Pro Asn Gly Asn Leu Val Gln Phe Ser

350 355 360

caa gcc gtc agc aac caa ata aac tcc agt ggc cac tac cag tat cac 1217

Gln Ala Val Ser Asn Gln Ile Asn Ser Ser Gly His Tyr Gln Tyr His

365 370 375

acc gtg cat aag gat tcc ggc ctg tac aaa gag cta ctc cat aaa tta 1265

Thr Val His Lys Asp Ser Gly Leu Tyr Lys Glu Leu Leu His Lys Leu

380 385 390 395

cat ctt gcc aag gtg gga gat tgc atg gga gac tcc ggt gac aaa ccc 1313

His Leu Ala Lys Val Gly Asp Cys Met Gly Asp Ser Gly Asp Lys Pro

400

405

410

tta agg cgc aat aat agc tat act tcc tat acc atg gca ata tgt ggc 1361

Leu Arg Arg Asn Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Thr Met Ala Ile Cys Gly

415

420

425

atg cct ctg gat tca ttc cgt gcc aaa gaa ggt gaa cag aag ggc gaa 1409

Met Pro Leu Asp Ser Phe Arg Ala Lys Glu Gly Glu Gln Lys Gly Glu

430

435

440

gaa atg gag aag ctg aca tgg cct aat gca gac tcc aag aag cga att 1457

Glu Met Glu Lys Leu Thr Trp Pro Asn Ala Asp Ser Lys Lys Arg Ile

445

450

455

cga atg gac agt tac acc agt tac tgc aat gct gtg tct gac ctt cac 1505

Arg Met Asp Ser Tyr Thr Ser Tyr Cys Asn Ala Val Ser Asp Leu His

460

465

470

475

tca gca tct gag ata gac atg agt gtc aag gca gag atg ggt cta ggt 1553

Ser Ala Ser Glu Ile Asp Met Ser Val Lys Ala Glu Met Gly Leu Gly

480

485

490

gac aga aaa gga agt aat ggc tct cta gaa gaa tgg tat gac cag gat 1601

Asp Arg Lys Gly Ser Asn Gly Ser Leu Glu Glu Trp Tyr Asp Gln Asp

495

500

505

aag cct gaa gtc tct ctc ttc cag ttc ctg cag atc ctt aca gcc 1649

Lys Pro Glu Val Ser Leu Leu Phe Gln Phe Leu Gln Ile Leu Thr Ala

510

515

520

tgc ttt ggg tca ttc gcc cat ggt ggc aat gac gta agc aat gcc att 1697

Cys Phe Gly Ser Phe Ala His Gly Gly Asn Asp Val Ser Asn Ala Ile

525

530

535

ggg cct ctg gtt gct tta tat ttg gtt tat gac aca gga gat gtt tct 1745

Gly Pro Leu Val Ala Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Thr Gly Asp Val Ser

540

545

550

555

tca aaa gtg gca aca cca ata tgg ctt cta ctc tat ggt ggt gtt ggt 1793

Ser Lys Val Ala Thr Pro Ile Trp Leu Leu Tyr Gly Gly Val Gly

560

565

570

atc tgt gtt ggt ctg tgg gtt tgg gga aga aga gtt atc cag acc atg 1841

Ile Cys Val Gly Leu Trp Val Trp Gly Arg Arg Val Ile Gln Thr Met

575

580

585

ggg aag gat ctg aca ccg atc aca ccc tct agt ggc ttc agt att gaa 1889

Gly Lys Asp Leu Thr Pro Ile Thr Pro Ser Ser Gly Phe Ser Ile Glu

590

595

600

ctg gca tct gcc ctc act gtg gtg att gca tca aat att ggc ctt ccc 1937

Leu Ala Ser Ala Leu Thr Val Val Ile Ala Ser Asn Ile Gly Leu Pro

605

610

615

atc agt aca aca cat tgt aaa gtg ggc tct gtt gtg tct gtt ggc tgg 1985

Ile Ser Thr Thr His Cys Lys Val Gly Ser Val Val Ser Val Gly Trp

620

625

630

635

ctc cgg tcc aag aag gct gtt gac tgg cgt ctc ttt cgt aac att ttt 2033

Leu Arg Ser Lys Lys Ala Val Asp Trp Arg Leu Phe Arg Asn Ile Phe

640

645

650

atg gcc tgg ttt gtc aca gtc cct att tct gga gtt atc agt gct gcc 2081

Met Ala Trp Phe Val Thr Val Pro Ile Ser Gly Val Ile Ser Ala Ala

655

660

665

atc atg gca atc ttc aga tat gtc atc ctc aga atg tgaagctgtt 2127

Ile Met Ala Ile Phe Arg Tyr Val Ile Leu Arg Met

670

675

ttagattaaa atttgtgtca atgtttggga ccatcttagg tattccctgct cccctgaaga 2187

atgattacag tgttaacaga agactgacaa gagtctttt atttgggagc cagaggaggg 2247

aagtgttact tgtgctataa ctgctttgt gctaaatatg aattgtctca aaatttagctg 2307

tgtaaaatag cccgggttcc actggctcct gctgaggtcc ctttccttc tgggctgtga 2367

attcctgtac atatttctct acttttgta tcaggcttca attccattat gtttaatgt 2427

tgtctctgaa gatgacttgt gatTTTTT TCTTTTTT aaaccatgaa gagccgtttg 2487

acagagcatg ctctgcgttg ttggttcac cagcttctgc cctcacatgc acagggattt 2547

aacaacaaaa atataactac aactccctt gtgtcttctt atataagtag agtccttggt 2607

actctgccct cctgtcagta gtggcaggat ctattggcat attcgggagc ttcttagagg 2667

gatgaggttc tttgaacaca gtgaaaattt aaatttagtaa ctttttgca agcagttat 2727

tgactgttat tgctaagaag aagtaagaaa gaaaaagcct gttggcaatc ttggttattt 2787

ctttaagatt tctggcagtg tggatggat gaatgaagtg gaatgtgaac tttggcaag 2847

ttaaatggga cagccttcca ttttcatttg tctaccttta aactgaataa aaaaggctac 2907

agtttttag 2916

<210> 125

<211> 288

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 125

Met Glu Arg Pro Gln Pro Asp Ser Met Pro Gln Asp Leu Ser Glu Ala

1

5

10

15

Leu Lys Glu Ala Thr Lys Glu Val His Thr Gln Ala Glu Asn Ala Glu

20

25

30

Phe Met Arg Asn Phe Gln Lys Gly Gln Val Thr Arg Asp Gly Phe Lys

35

40

45

Leu Val Met Ala Ser Leu Tyr His Ile Tyr Val Ala Leu Glu Glu

50

55

60

Ile Glu Arg Asn Lys Glu Ser Pro Val Phe Ala Pro Val Tyr Phe Pro

65 70 75 80

Glu Glu Leu His Arg Lys Ala Ala Leu Glu Gln Asp Leu Ala Phe Trp

85 90 95

Tyr Gly Pro Arg Trp Gln Glu Val Ile Pro Tyr Thr Pro Ala Met Gln

100 105 110

Arg Tyr Val Lys Arg Leu His Glu Val Gly Arg Thr Glu Pro Glu Leu

115 120 125

Leu Val Ala His Ala Tyr Thr Arg Tyr Leu Gly Asp Leu Ser Gly Gly

130 135 140

Gln Val Leu Lys Lys Ile Ala Gln Lys Ala Leu Asp Leu Pro Ser Ser

145 150 155 160

Gly Glu Gly Leu Ala Phe Phe Thr Phe Pro Asn Ile Ala Ser Ala Thr

165 170 175

Lys Phe Lys Gln Leu Tyr Arg Ser Arg Met Asn Ser Leu Glu Met Thr

180 185 190

Pro Ala Val Arg Gln Arg Val Ile Glu Glu Ala Lys Thr Ala Phe Leu

195 200 205

Leu Asn Ile Gln Leu Phe Glu Glu Leu Gln Glu Leu Leu Thr His Asp

210

215

220

Thr Lys Asp Gln Ser Pro Ser Arg Ala Pro Gly Leu Arg Gln Arg Ala

225

230

235

240

Ser Asn Lys Val Gln Asp Ser Ala Pro Val Glu Thr Pro Arg Gly Lys

245

250

255

Pro Pro Leu Asn Thr Arg Ser Gln Ala Pro Leu Leu Arg Trp Val Leu

260

265

270

Thr Leu Ser Phe Leu Val Ala Thr Val Ala Val Gly Leu Tyr Ala Met

275

280

285

<210> 126

<211> 1550

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81)..(944)

<400> 126

tcaacgcctg cctccctcg agcgtcctca gcgcagccgc cgcccgcgga gccagcacga 60

acgagccag caccggccgg atg gag cgt ccg caa ccc gac agc atg ccc cag 113

Met Glu Arg Pro Gln Pro Asp Ser Met Pro Gln

1 5 10

gat ttg tca gag gcc ctg aag gag gcc acc aag gag gtg cac acc cag 161

Asp Leu Ser Glu Ala Leu Lys Glu Ala Thr Lys Glu Val His Thr Gln

15 20 25

gca gag aat gct gag ttc atg agg aac ttt cag aag ggc cag gtg acc 209

Ala Glu Asn Ala Glu Phe Met Arg Asn Phe Gln Lys Gly Gln Val Thr

30 35 40

cga gac ggc ttc aag ctg gtg atg gcc tcc ctg tac cac atc tat gtg 257

Arg Asp Gly Phe Lys Leu Val Met Ala Ser Leu Tyr His Ile Tyr Val

45 50 55

gcc ctg gag gag att gag cgc aac aag gag agc cca gtc ttc gcc 305

Ala Leu Glu Glu Glu Ile Glu Arg Asn Lys Glu Ser Pro Val Phe Ala

60 65 70 75

cct gtc tac ttc cca gaa gag ctg cac cgc aag gct gcc ctg gag cag 353

Pro Val Tyr Phe Pro Glu Glu Leu His Arg Lys Ala Ala Leu Glu Gln

80 85 90

gac ctg gcc ttc tgg tac ggg ccc cgc tgg cag gag gtc atc ccc tac 401

Asp Leu Ala Phe Trp Tyr Gly Pro Arg Trp Gln Glu Val Ile Pro Tyr

95 100 105

aca cca gcc atg cag cgc tat gtg aag cgg ctc cac gag gtg ggg cgc 449

Thr Pro Ala Met Gln Arg Tyr Val Lys Arg Leu His Glu Val Gly Arg

110 115 120

aca gag ccc gag ctg ctg gtg gcc cac gcc tac acc cgc tac ctg ggt 497
 Thr Glu Pro Glu Leu Leu Val Ala His Ala Tyr Thr Arg Tyr Leu Gly
 125 130 135

gac ctg tct ggg ggc cag gtg ctc aaa aag att gcc cag aaa gcc ctg 545
 Asp Leu Ser Gly Gly Gln Val Leu Lys Lys Ile Ala Gln Lys Ala Leu
 140 145 150 155

gac ctg ccc agc tct ggc gag ggc ctg gcc ttc ttc acc ttc ccc aac 593
 Asp Leu Pro Ser Ser Gly Glu Gly Leu Ala Phe Phe Thr Phe Pro Asn
 160 165 170

att gcc agt gcc acc aag ttc aag cag ctc tac cgc tcc cgc atg aac 641
 Ile Ala Ser Ala Thr Lys Phe Lys Gln Leu Tyr Arg Ser Arg Met Asn
 175 180 185

tcc ctg gag atg act ccc gca gtc agg cag agg gtg ata gaa gag gcc 689
 Ser Leu Glu Met Thr Pro Ala Val Arg Gln Arg Val Ile Glu Glu Ala
 190 195 200

aag act gcg ttc ctg ctc aac atc cag ctc ttt gag gag ttg cag gag 737
 Lys Thr Ala Phe Leu Leu Asn Ile Gln Leu Phe Glu Glu Leu Gln Glu
 205 210 215

ctg ctg acc cat gac acc aag gac cag agc ccc tca cgg gca cca ggg 785
 Leu Leu Thr His Asp Thr Lys Asp Gln Ser Pro Ser Arg Ala Pro Gly
 220 225 230 235

ctt cgc cag cgg gcc agc aac aaa gtg caa gat tct gcc ccc gtg gag 833

Leu Arg Gln Arg Ala Ser Asn Lys Val Gln Asp Ser Ala Pro Val Glu

240

245

250

act ccc aga ggg aag ccc cca ctc aac acc cgc tcc cag gct ccg ctt 881

Thr Pro Arg Gly Lys Pro Pro Leu Asn Thr Arg Ser Gln Ala Pro Leu

255

260

265

ctc cga tgg gtc ctt aca ctc agc ttt ctg gtg gcg aca gtt gct gta 929

Leu Arg Trp Val Leu Thr Leu Ser Phe Leu Val Ala Thr Val Ala Val

270

275

280

ggg ctt tat gcc atg tgaatgcagg catgctggct cccagggcca tgaaccttgt 984

Gly Leu Tyr Ala Met

285

ccgggtgaaag gccttcttcc tagagaggga attctcttgg ctggcttcct taccgtggc 1044

actgaaggct ttcagggcct ccagccctct cactgtgtcc ctctctctgg aaaggaggaa 1104

ggagcctatg gcatcttccc caacgaaaag cacatccagg caatggccta aacttcagag 1164

ggggcgaagg ggtcagccct gcccttcagc atcctcagtt cctgcagcag agcctggaag 1224

acaccctaattt gtggcagctg tctcaaacct ccaaaagccc tgtagttcaa gtatccttg 1284

tgacacggcc atgaccactt tccccgtggg ccatggcaat ttttacacaa acctgaaaaag 1344

atgttgtgtc ttgtgtttt gtcttatttt tgttggagcc actctgttcc tggctcagcc 1404

tcaaatgcag tattttgtt gtgttctgtt gttttatag cagggttggg gtggttttg 1464

agccatgcgt gggtgaaaaag ggaggtgttt aacggcactg tggccttggc ctaactttg 1524

tgtgaaataa taaacaacat tgtctg 1550

<210> 127

<211> 135

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 127

Met Ala Cys Gly Leu Val Ala Ser Asn Leu Asn Leu Lys Pro Gly Glu
 1 5 10 15

Cys Leu Arg Val Arg Gly Glu Val Ala Pro Asp Ala Lys Ser Phe Val
 20 25 30

Leu Asn Leu Gly Lys Asp Ser Asn Asn Leu Cys Leu His Phe Asn Pro
 35 40 45

Arg Phe Asn Ala His Gly Asp Ala Asn Thr Ile Val Cys Asn Ser Lys
 50 55 60

Asp Gly Gly Ala Trp Gly Thr Glu Gln Arg Glu Ala Val Phe Pro Phe
 65 70 75 80

Gln Pro Gly Ser Val Ala Glu Val Cys Ile Thr Phe Asp Gln Ala Asn

85 90 95

Leu Thr Val Lys Leu Pro Asp Gly Tyr Glu Phe Lys Phe Pro Asn Arg

100 105 110

Leu Asn Leu Glu Ala Ile Asn Tyr Met Ala Ala Asp Gly Asp Phe Lys

115 120 125

Ile Lys Cys Val Ala Phe Asp

130 135

<210> 128

<211> 507

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(454)

<400> 128

c ttctgacag ctgggtgcgcc tgcccgaa catcctcctg gactcaatc atg gct tgt 58

Met Ala Cys

1

ggt ctg gtc gcc agc aac ctg aat ctc aaa cct gga gag tgc ctt cga 106

Gly Leu Val Ala Ser Asn Leu Asn Leu Lys Pro Gly Glu Cys Leu Arg

5

10

15

gtg cga ggc gag gtg gct cct gac gct aag agc ttc gtg ctg aac ctg 154

Val Arg Gly Glu Val Ala Pro Asp Ala Lys Ser Phe Val Leu Asn Leu

20

25

30

35

ggc aaa gac agc aac aac ctg tgc ctg cac ttc aac cct cgc ttc aac 202

Gly Lys Asp Ser Asn Asn Leu Cys Leu His Phe Asn Pro Arg Phe Asn

40

45

50

gcc cac ggc gac gcc aac acc atc gtg tgc aac agc aag gac ggc ggg 250

Ala His Gly Asp Ala Asn Thr Ile Val Cys Asn Ser Lys Asp Gly Gly

55

60

65

gcc tgg ggg acc gag cag cgg gag gct gtc ttt ccc ttc cag cct gga 298

Ala Trp Gly Thr Glu Gln Arg Glu Ala Val Phe Pro Phe Gln Pro Gly

70

75

80

agt gtt gca gag gtg tgc atc acc ttc gac cag gcc aac ctg acc gtc 346

Ser Val Ala Glu Val Cys Ile Thr Phe Asp Gln Ala Asn Leu Thr Val

85

90

95

aag ctg cca gat gga tac gaa ttc aag ttc ccc aac cgc ctc aac ctg 394

Lys Leu Pro Asp Gly Tyr Glu Phe Lys Phe Pro Asn Arg Leu Asn Leu

100

105

110

115

gag gcc atc aac tac atg gca gct gac ggt gac ttc aag atc aaa tgt 442

Glu Ala Ile Asn Tyr Met Ala Ala Asp Gly Asp Phe Lys Ile Lys Cys

120

125

130

gtg gcc ttt gac tgaaatcagc cagcccatgg cccccataa aggtagctgc 494

Val Ala Phe Asp

135

ctctgctccc ctg 507

<210> 129

<211> 662

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 129

Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile Phe Asn

1

5

10

15

Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val Asn Asn

20

25

30

Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val Cys Asp

35

40

45

Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu Ser Lys

50

55

60

Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro Gly Ser

65

70

75

80

Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro His Tyr

85 90 95

Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys Lys Leu

100 105 110

Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr Trp Cys

115 120 125

His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val Glu Ile

130 135 140

Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp Glu Leu

145 150 155 160

Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp Gln Pro

165 170 175

Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn Tyr Arg

180 185 190

Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu Leu Thr

195 200 , 205

Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu Asp Leu

210 215 220

Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu Leu

225 230 235 240

Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly Tyr Glu

245 250 255

Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn Pro Tyr

260 265 270

Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu Met Gln

275 280 285

Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys Arg Lys

290 295 300

Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu Lys Val

305 310 315 320

Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala Glu Ala

325 330 335

Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met Lys Phe

340 345 350

Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu Leu Asp

355 360 365

Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly Lys Gln

370 375 380

Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu Thr Asp

385

390

395

400

Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg Asn Leu

405

410

415

Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu Lys Phe

420

425

430

Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe Ser Asn

435

440

445

Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu Ile Ile

450

455

460

Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp Ile Asp

465

470

475

480

Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser Tyr Leu

485

490

495

Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu Ser Ser

500

505

510

Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu Ser Tyr

515

520

525

Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu Val Asn

530

535

540

Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly Leu Gly
 545 550 555 560

Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro Tyr Gln
 565 570 575

Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser Leu Gln
 580 585 590

Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro Ser Asn
 595 600 605

Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp Ala Phe
 610 615 620

Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg Ser Asn
 625 630 635 640

Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser Asp Arg
 645 650 655

Leu Arg Ile Ser Glu Lys
 660

<210> 130

<211> 2251

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (74)..(2059)

<400> 130

cttggctgga cagtttgtga aactgtgttg ccgggcaact ggacatcctt ttgttcaata 60

tcagtggttc aaa atg aat aaa gag att cca aat gga aat aca tca gag 109

Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu

1 5 10

ctt att ttt aat gca gtg cat gta aaa gat gca ggc ttt tat gtc tgt 157

Leu Ile Phe Asn Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys

15 20 25

cga gtt aat aac aat ttc acc ttt gaa ttc agc cag tgg tca cag ctg 205

Arg Val Asn Asn Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu

30 35 40

gat gtt tgc gac atc cca gag agc ttc cag aga agt gtt gat ggc gtc 253

Asp Val Cys Asp Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val

45 50 55 60

tct gaa tcc aag ttg caa atc tgt gtt gaa cca act tcc caa aag ctg 301

Ser Glu Ser Lys Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu

65 70 75

atg cca ggc agc aca ttg gtt tta cag tgt gtt gct gtt gga agc cct 349

Met Pro Gly Ser Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro

80

85

90

att cct cac tac cag tgg ttc aaa aat gaa tta cca tta aca cat gag 397

Ile Pro His Tyr Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu

95

100

105

acc aaa aag cta tac atg gtg cct tat gtg gat ttg gaa cac caa gga 445

Thr Lys Lys Leu Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly

110

115

120

acc tac tgg tgt cat gta tat aat gat cga gac agt caa gat agc aag 493

Thr Tyr Trp Cys His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys

125

130

135

140

aag gta gaa atc atc ata gga aga aca gat gag gca gtg gag tgc act 541

Lys Val Glu Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr

145

150

155

gaa gat gaa tta aat aat ctt ggt cat cct gat aat aaa gag caa aca 589

Glu Asp Glu Leu Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr

160

165

170

act gac cag cct ttg gcg aag gac aag gtt gcc ctt ttg ata gga aat 637

Thr Asp Gln Pro Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn

175

180

185

atg aat tac cgg gag cac ccc aag ctc aaa gct cct ttg gtg gat gtg 685

Met Asn Tyr Arg Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val

190

195

200

tac gaa ttg act aac tta ctg aga cag ctg gac ttc aaa gtg gtt tca 733

Tyr Glu Leu Thr Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser

205 210 215 220

ctg ttg gat ctt act gaa tat gag atg cgt aat gct gtg gat gag ttt 781

Leu Leu Asp Leu Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe

225 230 235

tta ctc ctt tta gac aag gga gta tat ggg tta tta tat tat gca gga 829

Leu Leu Leu Leu Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly

240 245 250

cat ggt tat gaa aat ttt ggg aac agc ttc atg gtc ccc gtt gat gct 877

His Gly Tyr Glu Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala

255 260 265

cca aat cca tat agg tct gaa aat tgt ctg tgt gta caa aat ata ctg 925

Pro Asn Pro Tyr Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu

270 275 280

aaa ttg atg caa gaa aaa gaa act gga ctt aat gtg ttc tta ttg gat 973

Lys Leu Met Gln Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp

285 290 295 300

atg tgt agg aaa aga aat gac tac gat gat acc att cca atc ttg gat 1021

Met Cys Arg Lys Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp

305 310 315

gca cta aaa gtc acc gcc aat att gtg ttt gga tat gcc acg tgt caa	1069		
Ala Leu Lys Val Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln			
320	325	330	
gga gca gaa gct ttt gaa atc cag cat tct gga ttg gca aat gga atc	1117		
Gly Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile			
335	340	345	
ttt atg aaa ttt tta aaa gac aga tta tta gaa gat aag aaa atc act	1165		
Phe Met Lys Phe Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr			
350	355	360	
gtg tta ctg gat gaa gtt gca gaa gat atg ggt aag tgt cac ctt acc	1213		
Val Leu Leu Asp Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr			
365	370	375	380
aaa ggc aaa cag gct cta gag att cga agt agt tta tct gag aag aga	1261		
Lys Gly Lys Gln Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg			
385	390	395	
gca ctt act gat cca ata cag gga aca gaa tat tct gct gaa tct ctt	1309		
Ala Leu Thr Asp Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu			
400	405	410	
gtg cgg aat cta cag tgg gcc aag gct cat gaa ctt cca gaa agt atg	1357		
Val Arg Asn Leu Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met			
415	420	425	

tgt ctt aag ttt gac tgt ggt gtt cag att caa tta gga ttt gca gct 1405
 Cys Leu Lys Phe Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala
 430 435 440

gag ttt tcc aat gtc atg atc atc tat aca agt ata gtt tac aaa cca 1453
 Glu Phe Ser Asn Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro
 445 450 455 460

ccg gag ata ata atg tgt gat gcc tac gtt act gat ttt cca ctt gat 1501
 Pro Glu Ile Ile Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp
 465 470 475

cta gat att gat cca aaa gat gca aat aaa ggc aca cct gaa gaa act 1549
 Leu Asp Ile Asp Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr
 480 485 490

ggc agc tac ttg gta tca aag gat ctt ccc aag cat tgc ctc tat acc 1597
 Gly Ser Tyr Leu Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr
 495 500 505

aga ctc agt tca ctg caa aaa tta aag gaa cat cta gtc ttc aca gta 1645
 Arg Leu Ser Ser Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val
 510 515 520

tgt tta tca tat cag tac tca gga ttg gaa gat act gta gag gac aag 1693
 Cys Leu Ser Tyr Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys
 525 530 535 540

cag gaa gtg aat gtt ggg aaa cct ctc att gct aaa tta gac atg cat 1741

Gln Glu Val Asn Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His

545 550 555

cga ggt ttg gga agg aag act tgc ttt caa act tgt ctt atg tct aat 1789

Arg Gly Leu Gly Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn

560 565 570

ggc cct tac cag agt tct gca gcc acc tca gga gga gca ggg cat tat 1837

Gly Pro Tyr Gln Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr

575 580 585

cac tca ttg caa gac cca ttc cat ggt gtt tac cat tca cat cct ggt 1885

His Ser Leu Gln Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly

590 595 600

aat cca agt aat gtt aca cca gca gat agc tgt cat tgc agc cgg act 1933

Asn Pro Ser Asn Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr

605 610 615 620

cca gat gca ttt att tca agt ttc gct cac cat gct tca tgt cat ttt 1981

Pro Asp Ala Phe Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe

625 630 635

agt aga agt aat gtg cca gta gag aca act gat gaa ata cca ttt agt 2029

Ser Arg Ser Asn Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser

640 645 650

ttc tct gac agg ctc aga att tct gaa aaa tgacctcctt gttttgaaa 2079

Phe Ser Asp Arg Leu Arg Ile Ser Glu Lys

655

660

gttagcataa ttttagatgc ctgtgaaata gtactgcact tacataaagt gagacattgt 2139

gaaaaggcaa atttgtatat gtagagaaag aatagtagta actgtttcat agcaaacttc 2199

aggactttga gatgttggaa ttacatttt taattacaga cttcctcttt ct 2251

<210> 131

<211> 824

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

Met Ser Leu Leu Gly Asp Pro Leu Gln Ala Leu Pro Pro Ser Ala Ala

1

5

10

15

Pro Thr Gly Pro Leu Leu Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Leu Asn Arg

20

25

30

Leu Arg Glu Pro Leu Leu Arg Arg Leu Ser Glu Leu Leu Asp Gln Ala

35

40

45

Pro Glu Gly Arg Gly Trp Arg Arg Leu Ala Glu Leu Ala Gly Ser Arg

50

55

60

Gly Arg Leu Arg Leu Ser Cys Leu Asp Leu Glu Gln Cys Ser Leu Lys

65

70

75

80

Val Leu Glu Pro Glu Gly Ser Pro Ser Leu Cys Leu Leu Lys Leu Met

85 90 95

Gly Glu Lys Gly Cys Thr Val Thr Glu Leu Ser Asp Phe Leu Gln Ala

100 105 110

Met Glu His Thr Glu Val Leu Gln Leu Leu Ser Pro Pro Gly Ile Lys

115 120 125

Ile Thr Val Asn Pro Glu Ser Lys Ala Val Leu Ala Gly Gln Phe Val

130 135 140

Lys Leu Cys Cys Arg Ala Thr Gly His Pro Phe Val Gln Tyr Gln Trp

145 150 155 160

Phe Lys Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile

165 170 175

Phe Asn Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val

180 185 190

Asn Asn Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val

195 200 205

Cys Asp Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu

210 215 220

Ser Lys Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro

225

230

235

240

Gly Ser Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro

245

250

255

His Tyr Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys

260

265

270

Lys Leu Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr

275

280

285

Trp Cys His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val

290

295

300

Glu Ile Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp

305

310

315

320

Glu Leu Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp

325

330

335

Gln Pro Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn

340

345

350

Tyr Arg Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu

355

360

365

Leu Thr Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu

370

375

380

Asp Leu Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu
 385 390 395 400

Leu Leu Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly
 405 410 415

Tyr Glu Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn
 420 425 430

Pro Tyr Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu
 435 440 445

Met Gln Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys
 450 455 460

Arg Lys Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu
 465 470 475 480

Lys Val Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala
 485 490 495

Glu Ala Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met
 500 505 510

Lys Phe Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu
 515 520 525

Leu Asp Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly
 530 535 540

Lys Gln Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu
 545 550 555 560

Thr Asp Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg
 565 570 575

Asn Leu Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu
 580 585 590

Lys Phe Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe
 595 600 605

Ser Asn Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu
 610 615 620

Ile Ile Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp
 625 630 635 640

Ile Asp Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser
 645 650 655

Tyr Leu Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu
 660 665 670

Ser Ser Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu
 675 680 685

Ser Tyr Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu

690

695

700

Val Asn Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly

705

710

715

720

Leu Gly Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro

725

730

735

Tyr Gln Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser

740

745

750

Leu Gln Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro

755

760

765

Ser Asn Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp

770

775

780

Ala Phe Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg

785

790

795

800

Ser Asn Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser

805

810

815

Asp Arg Leu Arg Ile Ser Glu Lys

820

<210> 132

<211> 2828

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (165)..(2636)

<400> 132

ggggcgggga gcggacttcc tcctctgagg gccgtgccgc gctgccagat ttgttcttcc 60

gccccctgcct ccgcggctcg gaggcgagcg gaaggtgccccc cggggccgag gcccgtgacg 120

gggcgggcgg gagcccccggc agtccggggt cgccggcgag ggcc atg tcg ctg ttg 176

Met Ser Leu Leu

1

ggg gac ccg cta cag gcc ctg ccg ccc tcg gcc gcc ccc acg ggg ccg 224

Gly Asp Pro Leu Gln Ala Leu Pro Pro Ser Ala Ala Pro Thr Gly Pro

5

10

15

20

ctg ctc gcc cct ccg gcc ggc gcg acc ctc aac cgc ctg cgg gag ccg 272

Leu Leu Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Leu Asn Arg Leu Arg Glu Pro

25

30

35

ctg ctg cgg agg ctc agc gag ctc ctg gat cag gcg ccc gag ggc cgg 320

Leu Leu Arg Arg Leu Ser Glu Leu Leu Asp Gln Ala Pro Glu Gly Arg

40

45

50

ggc tgg agg aga ctg gcg gag ctg gcg ggg agt cgc ggg cgc ctc cgc 368

Gly Trp Arg Arg Leu Ala Glu Leu Ala Gly Ser Arg Gly Arg Leu Arg

55	60	65
----	----	----

ctc agt tgc cta gac ctg gag cag tgt tct ctt aag gta ctg gag cct 416

Leu Ser Cys Leu Asp Leu Glu Gln Cys Ser Leu Lys Val Leu Glu Pro

70	75	80
----	----	----

gaa gga agc ccc agc ctg tgt ctg ctg aag tta atg ggt gaa aaa ggt 464

Glu Gly Ser Pro Ser Leu Cys Leu Leu Lys Leu Met Gly Glu Lys Gly

85	90	95	100
----	----	----	-----

tgc aca gtc aca gaa ttg agt gat ttc ctg cag gct atg gaa cac act 512

Cys Thr Val Thr Glu Leu Ser Asp Phe Leu Gln Ala Met Glu His Thr

105	110	115
-----	-----	-----

gaa gtt ctt cag ctt ctc agc ccc cca gga ata aag att act gta aac 560

Glu Val Leu Gln Leu Leu Ser Pro Pro Gly Ile Lys Ile Thr Val Asn

120	125	130
-----	-----	-----

cca gag tca aag gca gtc ttg gct gga cag ttt gtg aaa ctg tgt tgc 608

Pro Glu Ser Lys Ala Val Leu Ala Gly Gln Phe Val Lys Leu Cys Cys

135	140	145
-----	-----	-----

cgg gca act gga cat cct ttt gtt caa tat cag tgg ttc aaa atg aat 656

Arg Ala Thr Gly His Pro Phe Val Gln Tyr Gln Trp Phe Lys Met Asn

150	155	160
-----	-----	-----

aaa gag att cca aat gga aat aca tca gag ctt att ttt aat gca gtg 704

Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile Phe Asn Ala Val

165

170

175

180

cat gta aaa gat gca ggc ttt tat gtc tgt cga gtt aat aac aat ttc 752

His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val Asn Asn Asn Phe

185

190

195

acc ttt gaa ttc agc cag tgg tca cag ctg gat gtt tgc gac atc cca 800

Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val Cys Asp Ile Pro

200

205

210

gag agc ttc cag aga agt gtt gat ggc gtc tct gaa tcc aag ttg caa 848

Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu Ser Lys Leu Gln

215

220

225

atc tgt gtt gaa cca act tcc caa aag ctg atg cca ggc agc aca ttg 896

Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro Gly Ser Thr Leu

230

235

240

gtt tta cag tgt gtt gct gga agc cct att cct cac tac cag tgg 944

Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro His Tyr Gln Trp

245

250

255

260

ttc aaa aat gaa tta cca tta aca cat gag acc aaa aag cta tac atg 992

Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys Lys Leu Tyr Met

265

270

275

gtg cct tat gtg gat ttg gaa cac caa gga acc tac tgg tgt cat gta 1040

Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr Trp Cys His Val

280

285

290

tat aat gat cga gac agt caa gat agc aag aag gta gaa atc atc ata 1088

Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val Glu Ile Ile

295

300

305

gga aga aca gat gag gca gtg gag tgc act gaa gat gaa tta aat aat. 1136

Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp Glu Leu Asn Asn

310

315

320

ctt ggt cat cct gat aat aaa gag caa aca act gac cag cct ttg gcg 1184

Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp Gln Pro Leu Ala

325

330

335

340

aag gac aag gtt gcc ctt ttg ata gga aat atg aat tac cgg gag cac 1232

Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn Tyr Arg Glu His

345

350

355

ccc aag ctc aaa gct cct ttg gtg gat gtg tac gaa ttg act aac tta 1280

Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu Leu Thr Asn Leu

360

365

370

ctg aga cag ctg gac ttc aaa gtg gtt tca ctg ttg gat ctt act gaa 1328

Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu Asp Leu Thr Glu

375

380

385

tat gag atg cgt aat gct gtg gat gag ttt tta ctc ctt tta gac aag 1376

Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu Leu Asp Lys

390

395

400

gga gta tat ggg tta tta tat tat gca gga cat ggt tat gaa aat ttt			1424
Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly Tyr Glu Asn Phe			
405	410	415	420
ggg aac agc ttc atg gtc ccc gtt gat gct cca aat cca tat agg tct			1472
Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn Pro Tyr Arg Ser			
425	430	435	
gaa aat tgt ctg tgt gta caa aat ata ctg aaa ttg atg caa gaa aaa			1520
Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu Met Gln Glu Lys			
440	445	450	
gaa act gga ctt aat gtg ttc tta ttg gat atg tgt agg aaa aga aat			1568
Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys Arg Lys Arg Asn			
455	460	465	
gac tac gat gat acc att cca atc ttg gat gca cta aaa gtc acc gcc			1616
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu Lys Val Thr Ala			
470	475	480	
aat att gtg ttt gga tat gcc acg tgt caa gga gca gaa gct ttt gaa			1664
Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala Glu Ala Phe Glu			
485	490	495	500
atc cag cat tct gga ttg gca aat gga atc ttt atg aaa ttt tta aaa			1712
Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met Lys Phe Leu Lys			
505	510	515	
gac aga tta tta gaa gat aag aaa atc act gtg tta ctg gat gaa gtt			1760

Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu Leu Asp Glu Val

520

525

530

gca gaa gat atg ggt aag tgt cac ctt acc aaa ggc aaa cag gct cta 1808

Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly Lys Gln Ala Leu

535

540

545

gag att cga agt agt tta tct gag aag aga gca ctt act gat cca ata 1856

Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu Thr Asp Pro Ile

550

555

560

cag gga aca gaa tat tct gct gaa tct ctt gtg cgg aat cta cag tgg 1904

Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg Asn Leu Gln Trp

565

570

575

580

gcc aag gct cat gaa ctt cca gaa agt atg tgt ctt aag ttt gac tgt 1952

Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu Lys Phe Asp Cys

585

590

595

ggt gtt cag att caa tta gga ttt gca gct gag ttt tcc aat gtc atg 2000

Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe Ser Asn Val Met

600

605

610

atc atc tat aca agt ata gtt tac aaa cca ccg gag ata ata atg tgt 2048

Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu Ile Ile Met Cys

615

620

625

gat gcc tac gtt act gat ttt cca ctt gat cta gat att gat cca aaa 2096

Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp Ile Asp Pro Lys

630 635 640

gat gca aat aaa ggc aca cct gaa gaa act ggc agc tac ttg gta tca 2144
 Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser Tyr Leu Val Ser
 645 650 655 660

aag gat ctt ccc aag cat tgc ctc tat acc aga ctc agt tca ctg caa 2192
 Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu Ser Ser Leu Gln
 665 670 675

aaa tta aag gaa cat cta gtc ttc aca gta tgt tta tca tat cag tac 2240
 Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu Ser Tyr Gln Tyr
 680 685 690

tca gga ttg gaa gat act gta gag gac aag cag gaa gtg aat gtt ggg 2288
 Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu Val Asn Val Gly
 695 700 705

aaa cct ctc att gct aaa tta gac atg cat cga ggt ttg gga agg aag 2336
 Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly Leu Gly Arg Lys
 710 715 720

act tgc tttcaa act tgt ctt atg tct aat ggt cct tac cag agt tct 2384
 Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro Tyr Gln Ser Ser
 725 730 735 740

gca gcc acc tca gga gga gca ggg cat tat cac tca ttg caa gac cca 2432
 Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser Leu Gln Asp Pro
 745 750 755

ttc cat ggt gtt tac cat tca cat cct ggt aat cca agt aat gtt aca 2480

Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro Ser Asn Val Thr

760

765

770

cca gca gat agc tgt cat tgc agc cgg act cca gat gca ttt att tca 2528

Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp Ala Phe Ile Ser

775

780

785

agt ttc gct cac cat gct tca tgt cat ttt agt aga agt aat gtg cca 2576

Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg Ser Asn Val Pro

790

795

800

gta gag aca act gat gaa ata cca ttt agt ttc tct gac agg ctc aga 2624

Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser Asp Arg Leu Arg

805

810

815

820

att tct gaa aaa tgacctcctt gttttgaaa gtttagataa ttttagatgc 2676

Ile Ser Glu Lys

ctgtgaaata gtactgcact tacataaagt gagacattgt gaaaaggcaa atttgtatat 2736

gtagagaaaag aatagtagta actgtttcat agcaaacttc aggacttga gatgttgaaa 2796

ttacattatt taattacaga cttcctctt ct

2828

<210> 133

<211> 919

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 133

Met Lys Val Ala Arg Phe Gln Lys Ile Pro Asn Gly Glu Asn Glu Thr

1 5 10 15

Met Ile Pro Val Leu Thr Ser Lys Lys Ala Ser Glu Leu Pro Val Ser

20 25 30

Glu Val Ala Ser Ile Leu Gln Ala Asp Leu Gln Asn Gly Leu Asn Lys

35 40 45

Cys Glu Val Ser His Arg Arg Ala Phe His Gly Trp Asn Glu Phe Asp

50 55 60

Ile Ser Glu Asp Glu Pro Leu Trp Lys Lys Tyr Ile Ser Gln Phe Lys

65 70 75 80

Asn Pro Leu Ile Met Leu Leu Ala Ser Ala Val Ile Ser Val Leu

85 90 95

Met His Gln Phe Asp Asp Ala Val Ser Ile Thr Val Ala Ile Leu Ile

100 105 110

Val Val Thr Val Ala Phe Val Gln Glu Tyr Arg Ser Glu Lys Ser Leu

115 120 125

Glu Glu Leu Ser Lys Leu Val Pro Pro Glu Cys His Cys Val Arg Glu

130 135 140

Gly Lys Leu Glu His Thr Leu Ala Arg Asp Leu Val Pro Gly Asp Thr

145 150 155 160

Val Cys Leu Ser Val Gly Asp Arg Val Pro Ala Asp Leu Arg Leu Phe

165 170 175

Glu Ala Val Asp Leu Ser Ile Asp Glu Ser Ser Leu Thr Gly Glu Thr

180 185 190

Thr Pro Cys Ser Lys Val Thr Ala Pro Gln Pro Ala Ala Thr Asn Gly

195 200 205

Asp Leu Ala Ser Arg Ser Asn Ile Ala Phe Met Gly Thr Leu Val Arg

210 215 220

Cys Gly Lys Ala Lys Gly Val Val Ile Gly Thr Gly Glu Asn Ser Glu

225 230 235 240

Phe Gly Glu Val Phe Lys Met Met Gln Ala Glu Glu Ala Pro Lys Thr

245 250 255

Pro Leu Gln Lys Ser Met Asp Leu Leu Gly Lys Gln Leu Ser Phe Tyr

260 265 270

Ser Phe Gly Ile Ile Gly Ile Ile Met Leu Val Gly Trp Leu Leu Gly

275 280 285

Lys Asp Ile Leu Glu Met Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Ala Val Ala

290 295 300

Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ile Val Val Thr Val Thr Leu Ala Leu

305 310 315 320

Gly Val Met Arg Met Val Lys Lys Arg Ala Ile Val Lys Lys Leu Pro

325 330 335

Ile Val Glu Thr Leu Gly Cys Cys Asn Val Ile Cys Ser Asp Lys Thr

340 345 350

Gly Thr Leu Thr Lys Asn Glu Met Thr Val Thr His Ile Phe Thr Ser

355 360 365

Asp Gly Leu His Ala Glu Val Thr Gly Val Gly Tyr Asn Gln Phe Gly

370 375 380

Glu Val Ile Val Asp Gly Asp Val Val His Gly Phe Tyr Asn Pro Ala

385 390 395 400

Val Ser Arg Ile Val Glu Ala Gly Cys Val Cys Asn Asp Ala Val Ile

405 410 415

Arg Asn Asn Thr Leu Met Gly Lys Pro Thr Glu Gly Ala Leu Ile Ala

420 425 430

Leu Ala Met Lys Met Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gln Asp Tyr Ile Arg

435 440 445

Lys Ala Glu Tyr Pro Phe Ser Ser Glu Gln Lys Trp Met Ala Val Lys

450 455 460

Cys Val His Arg Thr Gln Gln Asp Arg Pro Glu Ile Cys Phe Met Lys

465 470 475 480

Gly Ala Tyr Glu Gln Val Ile Lys Tyr Cys Thr Thr Tyr Gln Ser Lys

485 490 495

Gly Gln Thr Leu Thr Leu Thr Gln Gln Gln Arg Asp Val Tyr Gln Gln

500 505 510

Glu Lys Ala Arg Met Gly Ser Ala Gly Leu Arg Val Leu Ala Leu Ala

515 520 525

Ser Gly Pro Glu Leu Gly Gln Leu Thr Phe Leu Gly Leu Val Gly Ile

530 535 540

Ile Asp Pro Pro Arg Thr Gly Val Lys Glu Ala Val Thr Thr Leu Ile

545 550 555 560

Ala Ser Gly Val Ser Ile Lys Met Ile Thr Gly Asp Ser Gln Glu Thr

565 570 575

Ala Val Ala Ile Ala Ser Arg Leu Gly Leu Tyr Ser Lys Thr Ser Gln

580 585 590

Ser Val Ser Gly Glu Glu Ile Asp Ala Met Asp Val Gln Gln Leu Ser

595

600

605

Gln Ile Val Pro Lys Val Ala Val Phe Tyr Arg Ala Ser Pro Arg His

610

615

620

Lys Met Lys Ile Ile Lys Ser Leu Gln Lys Asn Gly Ser Val Val Ala

625

630

635

640

Met Thr Gly Asp Gly Val Asn Asp Ala Val Ala Leu Lys Ala Ala Asp

645

650

655

Ile Gly Val Ala Met Gly Gln Thr Gly Thr Asp Val Cys Lys Glu Ala

660

665

670

Ala Asp Met Ile Leu Val Asp Asp Asp Phe Gln Thr Ile Met Ser Ala

675

680

685

Ile Glu Glu Gly Lys Gly Ile Tyr Asn Asn Ile Lys Asn Phe Val Arg

690

695

700

Phe Gln Leu Ser Thr Ser Ile Ala Ala Leu Thr Leu Ile Ser Leu Ala

705

710

715

720

Thr Leu Met Asn Phe Pro Asn Pro Leu Asn Ala Met Gln Ile Leu Trp

725

730

735

Ile Asn Ile Ile Met Asp Gly Pro Pro Ala Gln Ser Leu Gly Val Glu

740

745

750

Pro Val Asp Lys Asp Val Ile Arg Lys Pro Pro Arg Asn Trp Lys Asp

755 760 765

Ser Ile Leu Thr Lys Asn Leu Ile Leu Lys Ile Leu Val Ser Ser Ile

770 775 780

Ile Ile Val Cys Gly Thr Leu Phe Val Phe Trp Arg Glu Leu Arg Asp

785 790 795 800

Asn Val Ile Thr Pro Arg Asp Thr Thr Met Thr Phe Thr Cys Phe Val

805 810 815

Phe Phe Asp Met Phe Asn Ala Leu Ser Ser Arg Ser Gln Thr Lys Ser

820 825 830

Val Phe Glu Ile Gly Leu Cys Ser Asn Arg Met Phe Cys Tyr Ala Val

835 840 845

Leu Gly Ser Ile Met Gly Gln Leu Leu Val Ile Tyr Phe Pro Pro Leu

850 855 860

Gln Lys Val Phe Gln Thr Glu Ser Leu Ser Ile Leu Asp Leu Leu Phe

865 870 875 880

Leu Leu Gly Leu Thr Ser Ser Val Cys Ile Val Ala Glu Ile Ile Lys

885 890 895

Lys Val Glu Arg Ser Arg Glu Lys Ile Gln Lys His Val Ser Ser Thr

900 905 910

Ser Ser Ser Phe Leu Glu Val

915

<210> 134

<211> 3612

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (427)..(3183)

<400> 134

acggcctcgccggagccggcccgccggaccgtgacgggtccctcacccitcccttctctcc 60

cctccccgcccgcgcctctccctcccttcctccctccctcgcttcttctcacgcccgg 120

gaggcaggctccgcgcctcgcaccgctgccccgagcgtcgactctttctcccgaggcg 180

ggggcgcccccgcgagccccgaggctgagacccccgagcctgaggaggaggctgtccgggg 240

ctttggatgc tgctgcttagggtggtggagcagccgtggcgtcgactcgccgg 300

ggtgacagcc tgggattccggggcttctcttccttgcgtccctctcttcatttc 360

ccagtgtggccgtggctgactaaagactttgttagccatcaacccgagtgcagttcga 420

tggaaa atg aag gtt gca cgt ttt caa aaa ata cct aat ggt gaa aat 468
 Met Lys Val Ala Arg Phe Gln Lys Ile Pro Asn Gly Glu Asn
 1 5 10

gag aca atg att cct gta ttg aca tca aaa aaa gca agt gaa tta cca 516
 Glu Thr Met Ile Pro Val Leu Thr Ser Lys Lys Ala Ser Glu Leu Pro
 15 20 25 30

gtc agt gaa gtt gca agc att ctc caa gct gat ctt cag aat ggt cta 564
 Val Ser Glu Val Ala Ser Ile Leu Gln Ala Asp Leu Gln Asn Gly Leu
 35 40 45

aac aaa tgt gaa gtt agt cat agg cga gcc ttt cat ggc tgg aat gag 612
 Asn Lys Cys Glu Val Ser His Arg Arg Ala Phe His Gly Trp Asn Glu
 50 55 60

ttt gat att agt gaa gat gag cca ctg tgg aag aag tat att tct cag 660
 Phe Asp Ile Ser Glu Asp Glu Pro Leu Trp Lys Lys Tyr Ile Ser Gln
 65 70 75

ttt aaa aat ccc ctt att atg ctg ctt ctg gct tct gca gtc atc agt 708
 Phe Lys Asn Pro Leu Ile Met Leu Leu Ala Ser Ala Val Ile Ser
 80 85 90

gtt tta atg cat cag ttt gat gat gcc gtc agt atc act gtg gca ata 756
 Val Leu Met His Gln Phe Asp Asp Ala Val Ser Ile Thr Val Ala Ile
 95 100 105 110

ctt atc gtt gtt aca gtt gcc ttt gtt cag gaa tat cgt tca gaa aaa 804

Leu Ile Val Val Thr Val Ala Phe Val Gln Glu Tyr Arg Ser Glu Lys

115 120 125

tct ctt gaa gaa ttg agt aaa ctt gtg cca cca gaa tgc cat tgt gtg 852

Ser Leu Glu Glu Leu Ser Lys Leu Val Pro Pro Glu Cys His Cys Val

130 135 140

cgt gaa gga aaa ttg gag cat aca ctt gcc cga gac ttg gtt cca ggt 900

Arg Glu Gly Lys Leu Glu His Thr Leu Ala Arg Asp Leu Val Pro Gly

145 150 155

gat aca gtt tgc ctt tct gtt ggg gat aga gtt cct gct gac tta cgc 948

Asp Thr Val Cys Leu Ser Val Gly Asp Arg Val Pro Ala Asp Leu Arg

160 165 170

ttg ttt gag gct gtg gat ctt tcc att gat gag tcc agc ttg aca ggt 996

Leu Phe Glu Ala Val Asp Leu Ser Ile Asp Glu Ser Ser Leu Thr Gly

175 180 185 190

gag aca acg cct tgt tct aag gtg aca gct cct cag cca gct gca act 1044

Glu Thr Thr Pro Cys Ser Lys Val Thr Ala Pro Gln Pro Ala Ala Thr

195 200 205

aat gga gat ctt gca tcg aga agt aac att gcc ttt atg gga aca ctg 1092

Asn Gly Asp Leu Ala Ser Arg Ser Asn Ile Ala Phe Met Gly Thr Leu

210 215 220

gtc aga tgt ggc aaa gca aag ggt gtt gtc att gga aca gga gaa aat 1140

Val Arg Cys Gly Lys Ala Lys Gly Val Val Ile Gly Thr Gly Glu Asn

225

230

235

tct gaa ttt ggg gag gtt ttt aaa atg atg caa gca gaa gag gca cca 1188

Ser Glu Phe Gly Glu Val Phe Lys Met Met Gln Ala Glu Glu Ala Pro

240

245

250

aaa acc cct ctg cag aag agc atg gac ctc tta gga aaa caa ctt tcc 1236

Lys Thr Pro Leu Gln Lys Ser Met Asp Leu Leu Gly Lys Gln Leu Ser

255

260

265

270

ttt tac tcc ttt ggt ata ata gga atc atc atg ttg gtt ggc tgg tta 1284

Phe Tyr Ser Phe Gly Ile Ile Gly Ile Ile Met Leu Val Gly Trp Leu

275

280

285

ctg gga aaa gat atc ctg gaa atg ttt act att agt gta agt ttg gct 1332

Leu Gly Lys Asp Ile Leu Glu Met Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Ala

290

295

300

gta gca gca att cct gaa ggt ctc ccc att gtg gtc aca gtg acg cta 1380

Val Ala Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ile Val Val Thr Val Thr Leu

305

310

315

gct ctt ggt gtt atg aga atg gtg aag aaa agg gcc att gtg aaa aag 1428

Ala Leu Gly Val Met Arg Met Val Lys Lys Arg Ala Ile Val Lys Lys

320

325

330

ctg cct att gtt gaa act ctg ggc tgc tgt aat gtg att tgt tca gat 1476

Leu Pro Ile Val Glu Thr Leu Gly Cys Cys Asn Val Ile Cys Ser Asp

335

340

345

350

aaa act gga aca ctg acg aag aat gaa atg act gtt act cac ata ttt 1524

Lys Thr Gly Thr Leu Thr Lys Asn Glu Met Thr Val Thr His Ile Phe

355

360

365

act tca gat ggt ctg cat gct gag gtt act gga gtt ggc tat aat caa 1572

Thr Ser Asp Gly Leu His Ala Glu Val Thr Gly Val Gly Tyr Asn Gln

370

375

380

ttt ggg gaa gtg att gtt gat ggt gat gtt cat gga ttc tat aac 1620

Phe Gly Glu Val Ile Val Asp Gly Asp Val Val His Gly Phe Tyr Asn

385

390

395

cca gct gtt agc aga att gtt gag gcg ggc tgt gtg tgc aat gat gct 1668

Pro Ala Val Ser Arg Ile Val Glu Ala Gly Cys Val Cys Asn Asp Ala

400

405

410

gta att aga aac aat act cta atg ggg aag cca aca gaa ggg gcc tta 1716

Val Ile Arg Asn Asn Thr Leu Met Gly Lys Pro Thr Glu Gly Ala Leu

415 420 425 430

att gct ctt gca atg aag atg ggt ctt gat gga ctt caa caa gac tac 1764

Ile Ala Leu Ala Met Lys Met Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gln Asp Tyr

435

440

445

atc aga aaa gct gaa tac cct ttt agc tct gag caa aag tgg atg gct 1812

Ile Arg Lys Ala Glu Tyr Pro Phe Ser Ser Glu Gln Lys Trp Met Ala

450

455

460

gtt aag tgt gta cac cga aca cag cag gac aga cca gag att tgt ttt 1860
 Val Lys Cys Val His Arg Thr Gln Gln Asp Arg Pro Glu Ile Cys Phe
 465 470 475

atg aaa ggt gct tac gaa caa gta att aag tac tgt act aca tac cag 1908
 Met Lys Gly Ala Tyr Glu Gln Val Ile Lys Tyr Cys Thr Thr Tyr Gln
 480 485 490

agc aaa ggg cag acc ttg aca ctt act cag cag cag aga gat gtg tac 1956
 Ser Lys Gly Gln Thr Leu Thr Leu Thr Gln Gln Gln Arg Asp Val Tyr
 495 500 505 510

caa caa gag aag gca cgc atg ggc tca gcg gga ctc aga gtt ctt gct 2004
 Gln Gln Glu Lys Ala Arg Met Gly Ser Ala Gly Leu Arg Val Leu Ala
 515 520 525

ttg gct tct ggt cct gaa ctg gga cag ctg aca ttt ctt ggc ttg gtg 2052
 Leu Ala Ser Gly Pro Glu Leu Gly Gln Leu Thr Phe Leu Gly Leu Val
 530 535 540

gga atc att gat cca cct aga act ggt gtg aaa gaa gct gtt aca aca 2100
 Gly Ile Ile Asp Pro Pro Arg Thr Gly Val Lys Glu Ala Val Thr Thr
 545 550 555

ctc att gcc tca gga gta tca ata aaa atg att act gga gat tca cag 2148
 Leu Ile Ala Ser Gly Val Ser Ile Lys Met Ile Thr Gly Asp Ser Gln
 560 565 570

gag act gca gtt gca atc gcc agt cgt ctg gga ttg tat tcc aaa act 2196

Glu Thr Ala Val Ala Ile Ala Ser Arg Leu Gly Leu Tyr Ser Lys Thr
 575 580 585 590

tcc cag tca gtc tca gga gaa ata gat gca atg gat gtt cag cag 2244
 Ser Gln Ser Val Ser Gly Glu Glu Ile Asp Ala Met Asp Val Gln Gln
 595 600 605

ctt tca caa ata gta cca aag gtt gca gta ttt tac aga gct agc cca 2292
 Leu Ser Gln Ile Val Pro Lys Val Ala Val Phe Tyr Arg Ala Ser Pro
 610 615 620

agg cac aag atg aaa att att aag tcg cta cag aag aac ggt tca gtt 2340
 Arg His Lys Met Lys Ile Ile Lys Ser Leu Gln Lys Asn Gly Ser Val
 625 630 635

gta gcc atg aca gga gat gga gta aat gat gca gtt gct ctg aag gct 2388
 Val Ala Met Thr Gly Asp Gly Val Asn Asp Ala Val Ala Leu Lys Ala
 640 645 650

gca gac att gga gtt gcg atg ggc cag act ggt aca gat gtt tgc aaa 2436
 Ala Asp Ile Gly Val Ala Met Gly Gln Thr Gly Thr Asp Val Cys Lys
 655 660 665 670

gag gca gca gac atg atc cta gtg gat gat ttt caa acc ata atg 2484
 Glu Ala Ala Asp Met Ile Leu Val Asp Asp Asp Phe Gln Thr Ile Met
 675 680 685

tct gca atc gaa gag ggt aaa ggg att tat aat aac att aaa aat ttc 2532
 Ser Ala Ile Glu Glu Gly Lys Gly Ile Tyr Asn Asn Ile Lys Asn Phe

690

695

700

gtt aga ttc cag ctg agc acg agt ata gca gca tta act tta atc tca 2580

Val Arg Phe Gln Leu Ser Thr Ser Ile Ala Ala Leu Thr Leu Ile Ser

705

710

715

ttg gct aca tta atg aac ttt cct aat cct ctc aat gcc atg cag att 2628

Leu Ala Thr Leu Met Asn Phe Pro Asn Pro Leu Asn Ala Met Gln Ile

720

725

730

ttg tgg atc aat att att atg gat gga ccc cca gct cag agc ctt gga 2676

Leu Trp Ile Asn Ile Ile Met Asp Gly Pro Pro Ala Gln Ser Leu Gly

735 740 745 750

gta gaa cca gtg gat aaa gat gtc att cgt aaa cct cct cgc aac tgg 2724

Val Glu Pro Val Asp Lys Asp Val Ile Arg Lys Pro Pro Arg Asn Trp

755

760

765

aaa gac agc att ttg act aaa aac ttg ata ctt aaa ata ctt gtt tca 2772

Lys Asp Ser Ile Leu Thr Lys Asn Leu Ile Leu Lys Ile Leu Val Ser

770

775

780

tca ata atc att gtt tgt ggg act ttg ttt gtc ttc tgg cgt gag cta 2820

Ser Ile Ile Ile Val Cys Gly Thr Leu Phe Val Phe Trp Arg Glu Leu

785

790

795

cga gac aat gtg att aca cct cga gac aca aca atg acc ttc aca tgc 2868

Arg Asp Asn Val Ile Thr Pro Arg Asp Thr Thr Met Thr Phe Thr Cys

800

805

810

ttt gtg ttt ttt gac atg ttc aat gca cta agt tcc aga tcc cag acc 2916
 Phe Val Phe Phe Asp Met Phe Asn Ala Leu Ser Ser Arg Ser Gln Thr
 815 820 825 830

aag tct gtg ttt gag att gga ctc tgc agt aat aga atg ttt tgc tat 2964
 Lys Ser Val Phe Glu Ile Gly Leu Cys Ser Asn Arg Met Phe Cys Tyr
 835 840 845

gca gtt ctt gga tcc atc atg gga caa tta cta gtt att tac ttt cct 3012
 Ala Val Leu Gly Ser Ile Met Gly Gln Leu Leu Val Ile Tyr Phe Pro
 850 855 860

ccg ctt cag aag gtt ttt cag act gag agc cta agc ata ctg gat ctg 3060
 Pro Leu Gln Lys Val Phe Gln Thr Glu Ser Leu Ser Ile Leu Asp Leu
 865 870 875

ttg ttt ctt ttg ggt ctc acc tca tca gtg tgc ata gtg gca gaa att 3108
 Leu Phe Leu Leu Gly Leu Thr Ser Ser Val Cys Ile Val Ala Glu Ile
 880 885 890

ata aag aag gtt gaa agg agc agg gaa aag atc cag aag cat gtt agt 3156
 Ile Lys Lys Val Glu Arg Ser Arg Glu Lys Ile Gln Lys His Val Ser
 895 900 905 910

tcg aca tca tca tct ttt ctt gaa gta tgatgcata tgcattat 3203
 Ser Thr Ser Ser Phe Leu Glu Val
 915

tatttgcaaa ctaggaattt cagtctgagg atcattttaga agggcaagtt caagaggata 3263

tgaagattt gagaactttt aactattcat tgactaaaaa tgaacattaa tgttaagac 3323

ttaagacttt aacctgctgg cagtccaaa tgaaattatg caacttigtat atcatattcc 3383

ttgatttaaa ttggctttt tgattgagtg aaactttata aagcatatgg tcagttattt 3443

aattaaaaag gcaaaacctg aaccaccctc tgcacttaaa gaagtctaac agtacaata 3503

cactatctat cttagataga tatattttt tttatTTta aatattgtac tatttatgg 3563

ggtgtgggctt tcttactaat acacaaataa atttaatcat ttcaaaggc 3612

<210> 135

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 135

Met Gly Ala Phe Leu Asp Lys Pro Lys Met Glu Lys His Asn Ala Gln

1

5

10

15

Gly Gln Gly Asn Gly Leu Arg Tyr Gly Leu Ser Ser Met Gln Gly Trp

20

25

30

Arg Val Glu Met Glu Asp Ala His Thr Ala Val Ile Gly Leu Pro Ser

35

40

45

Gly Leu Glu Ser Trp Ser Phe Phe Ala Val Tyr Asp Gly His Ala Gly

50 55 60

Ser Gln Val Ala Lys Tyr Cys Cys Glu His Leu Leu Asp His Ile Thr

65 70 75 80

Asn Asn Gln Asp Phe Lys Gly Ser Ala Gly Ala Pro Ser Val Glu Asn

85 90 95

Val Lys Asn Gly Ile Arg Thr Gly Phe Leu Glu Ile Asp Glu His Met

100 105 110

Arg Val Met Ser Glu Lys His Gly Ala Asp Arg Ser Gly Ser Thr

115 120 125

Ala Val Gly Val Leu Ile Ser Pro Gln His Thr Tyr Phe Ile Asn Cys

130 135 140

Gly Asp Ser Arg Gly Leu Leu Cys Arg Asn Arg Lys Val His Phe Phe

145 150 155 160

Thr Gln Asp His Lys Pro Ser Asn Pro Leu Glu Lys Glu Arg Ile Gln

165 170 175

Asn Ala Gly Gly Ser Val Met Ile Gln Arg Val Asn Gly Ser Leu Ala

180 185 190

Val Ser Arg Ala Leu Gly Asp Phe Asp Tyr Lys Cys Val His Gly Lys

195

200

205

Gly Pro Thr Glu Gln Leu Val Ser Pro Glu Pro Glu Val His Asp Ile

210

215

220

Glu Arg Ser Glu Glu Asp Asp Gln Phe Ile Ile Leu Ala Cys Asp Gly

225

230

235

240

Ile Trp Asp Val Met Gly Asn Glu Glu Leu Cys Asp Phe Val Arg Ser

245

250

255

Arg Leu Glu Val Thr Asp Asp Leu Glu Lys Val Cys Asn Glu Val Val

260

265

270

Asp Thr Cys Leu Tyr Lys Gly Ser Arg Asp Asn Met Ser Val Ile Leu

275

280

285

Ile Cys Phe Pro Asn Ala Pro Lys Val Ser Pro Glu Ala Val Lys Lys

290

295

300

Glu Ala Glu Leu Asp Lys Tyr Leu Glu Cys Arg Val Glu Glu Ile Ile

305

310

315

320

Lys Lys Gln Gly Glu Gly Val Pro Asp Leu Val His Val Met Arg Thr

325

330

335

Leu Ala Ser Glu Asn Ile Pro Ser Leu Pro Pro Gly Gly Glu Leu Ala

340

345

350

Ser Lys Arg Asn Val Ile Glu Ala Val Tyr Asn Arg Leu Asn Pro Tyr

355

360

365

Lys Asn Asp Asp Thr Asp Ser Thr Ser Thr Asp Asp Met Trp

370

375

380

<210> 136

<211> 2467

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (444)..(1589)

<400> 136

acgggagcgc gcgcgggagc tagagagcag tggtctcgcc gctcgtccgg cccgcagctt 60

cgggtcctca ggccggctgtt gctccggaac gggtggttgg ggaggggggg gtggggggac 120

tctagacagc tgaggcgcga aagcgatgag tcctcggctc ttccctctcc ttctccggga 180

cccgctctct gcctccctct ccaacgcccc gatgatctga gccgcgaggg cgccgacagc 240

cgggggcccc gacgcagccc ggctccctccc ctccctccgccc cttccccag cctgacacctgg 300

cccgccgctg cagcggtgac ccctcccccg gctgccgccc tcgcccgcg ggtgaccccc 360

特2001-088912

tccccggctg ccgccgcgc cgccctcgccc gaccagggac ctgcccgcct gcggctgctc 420

cggacctaga ggatcaagac ata atg gga gca ttt tta gac aag cca aag atg 473

Met Gly Ala Phe Leu Asp Lys Pro Lys Met

1 5 10

gaa aag cat aat gcc cag ggg cag ggt aat ggg ttg cga tat ggg cta 521

Glu Lys His Asn Ala Gln Gly Gln Gly Asn Gly Leu Arg Tyr Gly Leu

15 20 25

agc agc atg caa ggc tgg cgt gtt gaa atg gag gat gca cat acg gct 569

Ser Ser Met Gln Gly Trp Arg Val Glu Met Glu Asp Ala His Thr Ala

30 35 40

gtg atc ggt ttg cca agt gga ctt gaa tcg tgg tca ttc ttt gct gtg 617

Val Ile Gly Leu Pro Ser Gly Leu Glu Ser Trp Ser Phe Phe Ala Val

45 50 55

tat gat ggg cat gct ggt tct cag gtt gcc aaa tac tgc tgt gag cat 665

Tyr Asp Gly His Ala Gly Ser Gln Val Ala Lys Tyr Cys Cys Glu His

60 65 70

ttg tta gat cac atc acc aat aac cag gat ttt aaa ggg tct gca gga 713

Leu Leu Asp His Ile Thr Asn Asn Gln Asp Phe Lys Gly Ser Ala Gly

75 80 85 90

gca cct tct gtg gaa aat gta aag aat gga atc aga aca ggt ttt ctg 761

Ala Pro Ser Val Glu Asn Val Lys Asn Gly Ile Arg Thr Gly Phe Leu

95 100 105

gag att gat gaa cac atg aga gtt atg tca gag aag aaa cat ggt gca 809
 Glu Ile Asp Glu His Met Arg Val Met Ser Glu Lys Lys His Gly Ala

110 115 120

gat aga agt ggg tca aca gct gta ggt gtc tta att tct ccc caa cat 857
 Asp Arg Ser Gly Ser Thr Ala Val Gly Val Leu Ile Ser Pro Gln His

125 130 135

act tat ttc att aac tgt gga gac tca aga ggt tta ctt tgt agg aac 905
 Thr Tyr Phe Ile Asn Cys Gly Asp Ser Arg Gly Leu Leu Cys Arg Asn

140 145 150

agg aaa gtt cat ttc ttc aca caa gat cac aaa cca agt aat ccg ctg 953
 Arg Lys Val His Phe Phe Thr Gln Asp His Lys Pro Ser Asn Pro Leu
 155 160 165 170

gag aaa gaa cga att cag aat gca ggt ggc tct gta atg att cag cgt 1001
 Glu Lys Glu Arg Ile Gln Asn Ala Gly Gly Ser Val Met Ile Gln Arg
 175 180 185

gtg aat ggc tct ctg gct gta tcg agg gcc ctt ggg gat ttt gat tac 1049
 Val Asn Gly Ser Leu Ala Val Ser Arg Ala Leu Gly Asp Phe Asp Tyr
 190 195 200

aaa tgt gtc cat gga aaa ggt cct act gag cag ctt gtc tca cca gag 1097
 Lys Cys Val His Gly Lys Gly Pro Thr Glu Gln Leu Val Ser Pro Glu
 205 210 215

cct gaa gtc cat gat att gaa aga tct gaa gaa gat gat cag ttc att 1145
 Pro Glu Val His Asp Ile Glu Arg Ser Glu Glu Asp Asp Gln Phe Ile
 220 225 230

atc ctt gca tgt gat ggt atc tgg gat gtt atg gga aat gaa gag ctc 1193
 Ile Leu Ala Cys Asp Gly Ile Trp Asp Val Met Gly Asn Glu Glu Leu
 235 240 245 250

tgt gat ttt gta aga tcc aga ctt gaa gtc act gat gac ctt gag aaa 1241
 Cys Asp Phe Val Arg Ser Arg Leu Glu Val Thr Asp Asp Leu Glu Lys
 255 260 265

gtt tgc aat gaa gta gtc gac acc tgt ttg tat aag gga agt cga gac 1289
 Val Cys Asn Glu Val Val Asp Thr Cys Leu Tyr Lys Gly Ser Arg Asp
 270 275 280

aac atg agt gtg att ttg atc tgt ttt cca aat gca ccc aaa gta tcg 1337
 Asn Met Ser Val Ile Leu Ile Cys Phe Pro Asn Ala Pro Lys Val Ser
 285 290 295

cca gaa gca gtg aag aag gag gca gag ttg gac aag tac ctg gaa tgc 1385
 Pro Glu Ala Val Lys Lys Glu Ala Glu Leu Asp Lys Tyr Leu Glu Cys
 300 305 310

aga gta gaa gaa atc ata aag aag cag ggg gaa ggc gtc ccc gac tta 1433
 Arg Val Glu Glu Ile Ile Lys Lys Gln Gly Glu Gly Val Pro Asp Leu
 315 320 325 330

gtc cat gtg atg cgc aca tta gcg agt gag aac atc ccc agc ctc cca 1481

Val His Val Met Arg Thr Leu Ala Ser Glu Asn Ile Pro Ser Leu Pro

335

340

345

cca ggg ggt gaa ttg gca agc aag agg aat gtt att gaa gcc gtt tac 1529

Pro Gly Gly Glu Leu Ala Ser Lys Arg Asn Val Ile Glu Ala Val Tyr

350

355

360

aat aga ctg aat cct tac aaa aat gac gac act gac tct aca tca aca 1577

Asn Arg Leu Asn Pro Tyr Lys Asn Asp Asp Thr Asp Ser Thr Ser Thr

365

370

375

gat gat atg tgg taaaactgct catctagcca tggagtttac cttcaccc 1629

Asp Asp Met Trp

380

aaaggagagt acagctcaac ttgttgaaa cttaacat ccattcctcaa cttaaggaa 1689

ggggatatga catgggttag aatgattaca tcagagaact tcagcagtagc aacagctagc 1749

ccagaactga ttttttttt tttttgtaa atttgagact tatgtaagcg tgatttcaaa 1809

ccataattcg tggtaaat cagactccag caattttgt tgtatgattt tggtttttg 1869

taaagtgtaa ttgccttgt aaaaaatgct catatttaat tatgaactgc tttaaatcac 1929

tatcaaagtt acaagaaatg ttggcttat tgtgtgatgc aacagatata tagcccttc 1989

aagtcatgtt gtgttggac ttgggttgg aacagggaga gcagcagcca tgtcagctac 2049

acgctcaa at gtgcagatga ttatggaaaa taacctcaaa atcttacaaa gctgaacatc 2109

caaggagtttta ttgaaaacta tcttaaatgt tcttggtagg ggagttggca ttgttgataa 2169

agccagtc cttcatttaac tgtcttcag gatgttcctt cggtgttcc atgagtattt 2229

caggtaataa tacagtgtat tcataagaat ctcaatctt gggctaaatg ccttggttct 2289

ttgcacctct ttcaagtcc ttacatttaa ttactaattt gataaggcaca gcttcctaca 2349

tatagtagga aactgccaca ttttgctat catgattggc tgggcctgct gctgttccta 2409

gtaagatatt ctgaattcca ttttatcaat aaagcttcat ttaacaaaca agaaactt 2467

<210> 137

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 137

Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn Asp Glu Val

1

5

10

15

Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr Ile Phe Asp

20

25

30

Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile Leu Lys Leu

35

40

45

Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser Ser Gln Val

50 55 60

Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys Val Asn Arg

65 70 75 80

Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro Ser Thr Asn

85 90 95

Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys Ser Ala Ser

100 105 110

Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala Ser Met Ser

115 120 125

Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys Asn Val Met

130 135 140

Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro Pro Ser Ala

145 150 155 160

Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala Ser Ser Ser

165 170 175

Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro Pro Tyr Thr

180 185 190

Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr Gln Gln Gln

195

200

205

Ala Gly Tyr Gly Ala Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln Gln Pro Gln

210

215

220

Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln Thr Gly Pro

225

230

235

240

Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro Thr Ser Gln

245

250

255

Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu Pro Ala Gln

260

265

270

Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln Thr Tyr Thr

275

280

285

Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro Ala Ser Gln

290

295

300

Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro Arg Pro Gly

305

310

315

320

Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Pro Ser Gly Pro

325

330

335

Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly Tyr Thr Gln

340

345

350

Pro Gly Pro Gly Tyr Arg

355

<210> 138

<211> 1519

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (11)..(1084)

<400> 138

attatgtcta atg atg caa cga gtt ttc aga gga aaa ctt ctg agt aat 49

Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn

1

5

10

gat gaa gta aca ata aag tat aaa gat gaa gat gga gat ctt ata aca 97

Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr

15

20

25

att ttt gat agt tct gac ctt tcc ttt gca att cag tgc agt agg ata 145

Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile

30

35

40

45

ctg aaa ctg aca tta ttt gtt aat ggc cag cca aga ccc ctt gaa tca 193

Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser

50

55

60

agt cag gtg aaa tat ctc cgt cga gaa ctg ata gaa ctt cga aat aaa	241	
Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys		
65	70	75
gtg aat cgt tta ttg gat agc ttg gaa cca cct gga gaa cca gga cct	289	
Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro		
80	85	90
tcc acc aat att cct gaa aat gat act gtg gat ggt agg gaa gaa aag	337	
Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys		
95	100	105
tct gct tct gat tct tct gga aaa cag tct act cag gtt atg gca gca	385	
Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala		
110	115	120
125		
agt atg tct gct ttt gat cct tta aaa aac caa gat gaa atc aat aaa	433	
Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys		
130	135	140
aat gtt atg tca gcg ttt ggc tta aca gat gat cag gtt tca ggg cca	481	
Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro		
145	150	155
ccc agt gct cct gca gaa gat cgt tca gga aca ccc gac agc att gct	529	
Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala		
160	165	170

tcc tcc tcc tca gca gct cac cca cca ggc gtt cag cca cag cag cca			577
Ser Ser Ser Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro			
175	180	185	
cca tat aca gga gct cag act caa gca ggt cag atg tac caa cag tac			625
Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr			
190	195	200	205
cag caa cag gcc ggc tat ggt gca cag cag ccg cag gct cca cct cag			673
Gln Gln Gln Ala Gly Tyr Ala Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln			
210	215	220	
cag cct caa cag tat ggt att cag tat tca gca agc tat agt cag cag			721
Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln			
225	230	235	
act gga ccc caa caa cct cag cag ttc cag gga tat ggc cag caa cca			769
Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro			
240	245	250	
act tcc cag gca cca gct cct gcc ttt tct ggt cag cct caa caa ctg			817
Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu			
255	260	265	
cct gct cag ccg cca cag cag tac cag cgc agc aat tat cct gca caa			865
Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln			
270	275	280	285
act tac act gcc caa act tct cag cct act aat tat act gtg gct cct			913

Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro

290

295

300

gcc tct caa cct gga atg gct cca agc caa cct ggg gcc tat caa cca 961

Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro

305

310

315

aga cca ggt ttt act tca ctt cct gga agt acc atg acc cct cct cca 1009

Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Pro

320

325

330

agt ggg cct aat cct tat gcg cgt aac cgt cct ccc ttt ggt cag ggc 1057

Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly

335

340

345

tat acc caa cct gga cct ggt tat cga taaggaggct cctctacacc 1104

Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr Arg

350

355

aattaatgt a gctgctagct attggcctcc caaaagactc cagtaactatt ttaatttcta 1164

ttgaagaagt tcagaaattt aaaagcagag catttttat gatatcattt ttgggtttaa 1224

ttgaaagtat aatttgctgg aacacaaaaga ccaaatgaa agttttcc tccctgctta 1284

aaaatgttagc agcttcttag ttactttgga acactactct tacatgtata aagtgattga 1344

cttgactttc tagcttcct tgcggagg atattaaaat gctagggtga gtttagcca 1404

tcttacttgg cttttacta ttaacatgtat gtactaaagt agagcccttt gagaatacaa 1464

gatattatgt ataaaatgta acactgatga tagttaata aagatgattg aatcc 1519

<210> 139

<211> 396

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 139

Met Asn Gly Gln Leu Asp Leu Ser Gly Lys Leu Ile Val Lys Ala Gln

1 5 10 15

Leu Gly Glu Asp Ile Arg Arg Ile Pro Ile His Asn Glu Asp Ile Thr

20 25 30

Tyr Asp Glu Leu Val Leu Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu

35 40 45

Leu Ser Asn Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp

50 55 60

Leu Ile Thr Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys

65 70 75 80

Ser Arg Ile Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro

85 90 95

Leu Glu Ser Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu

100 105 110

Arg Asn Lys Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu

115 120 125

Pro Gly Pro Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg

130 135 140

Glu Glu Lys Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val

145 150 155 160

Met Ala Ala Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu

165 170 175

Ile Asn Lys Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val

180 185 190

Ser Gly Pro Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp

195 200 205

Ser Ile Ala Ser Ser Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro

210 215 220

Gln Gln Pro Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr

225 230 235 240

Gln Gln Tyr Gln Gln Ala Gly Tyr Gly Ala Gln Gln Pro Gln Ala

245 250 255

Pro Pro Gln Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr

260 265 270

Ser Gln Gln Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly

275 280 285

Gln Gln Pro Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro

290 295 300

Gln Gln Leu Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr

305 310 315 320

Pro Ala Gln Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr

325 330 335

Val Ala Pro Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala

340 345 350

Tyr Gln Pro Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr

355 360 365

Pro Pro Pro Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe

370 375 380

Gly Gln Gly Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr Arg

385 390 395

<210> 140

<211> 1641

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (19)..(1206)

<400> 140

aacatcctgg agtccacc atg aac gga cag ttg gat cta agt ggg aag cta 51
 Met Asn Gly Gln Leu Asp Leu Ser Gly Lys Leu
 1 5 10

atc gtc aaa gct caa ctt ggg gag gat att cgg cga att cct att cat 99
 Ile Val Lys Ala Gln Leu Gly Glu Asp Ile Arg Arg Ile Pro Ile His
 15 20 25

aat gaa gat att act tat gat gaa tta gtg cta atg atg caa cga gtt 147
 Asn Glu Asp Ile Thr Tyr Asp Glu Leu Val Leu Met Met Gln Arg Val
 30 35 40

ttc aga gga aaa ctt ctg agt aat gat gaa gta aca ata aag tat aaa 195
 Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys
 45 50 55

gat gaa gat gga gat ctt ata aca att ttt gat agt tct gac ctt tcc 243
 Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser
 60 65 70 75

ttt gca att cag tgc agt agg ata ctg aaa ctg aca tta ttt gtt aat 291

Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn

80

85

90

ggc cag cca aga ccc ctt gaa tca agt cag gtg aaa tat ctc cgt cga 339

Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg

95

100

105

gaa ctg ata gaa ctt cga aat aaa gtg aat cgt tta ttg gat agc ttg 387

Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu

110

115

120

gaa cca cct gga gaa cca gga cct tcc acc aat att cct gaa aat gat 435

Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp

125

130

135

act gtg gat ggt agg gaa gaa aag tct gct tct gat tct tct gga aaa 483

Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys

140 145 150 155

cag tct act cag gtt atg gca gca agt atg tct gct ttt gat cct tta 531

Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu

160

165

170

aaa aac caa gat gaa atc aat aaa aat gtt atg tca gcg ttt ggc tta 579

Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu

175

180

185

aca gat gat cag gtt tca ggg cca ccc agt gct cct .gca gaa gat cgt	627		
Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg			
190	195	200	
tca gga aca ccc gac agc att gct tcc tcc tcc tca gca gct cac cca	675		
Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala Ser Ser Ser Ala Ala His Pro			
205	210	215	
cca ggc gtt cag cca cag cag cca cca tat aca gga gct cag act caa	723		
Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln			
220	225	230	235
gca ggt cag atg tac caa cag tac cag caa cag gcc ggc tat ggt gca	771		
Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr Gln Gln Gln Ala Gly Tyr Gly Ala			
240	245	250	
cag cag ccg cag gct cca cct cag cag cct caa cag tat ggt att cag	819		
Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln			
255	260	265	
tat tca gca agc tat agt cag cag act gga ccc caa caa cct cag cag	867		
Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln			
270	275	280	
ttc cag gga tat ggc cag caa cca act tcc cag gca cca gct cct gcc	915		
Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala			
285	290	295	
ttt tct ggt cag cct caa caa ctg cct gct cag ccg cca cag cag tac	963		

Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr

300 305 310 315

cag gcg agc aat tat cct gca caa act tac act gcc caa act tct cag 1011

Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln

320 325 330

cct act aat tat act gtg gct cct gcc tct caa cct gga atg gct cca 1059

Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro

335 340 345

agc caa cct ggg gcc tat caa cca aga cca ggt ttt act tca ctt cct 1107

Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro

350 355 360

gga agt acc atg acc cct cca agt ggg cct aat cct tat gcg cgt 1155

Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg

365 370 375

aac cgt cct ccc ttt ggt cag ggc tat acc caa cct gga cct ggt tat 1203

Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr

380 385 390 395

cga taaggaggct cctctacacc aattaatgt a gctgcttagct attggcctcc 1256

Arg

caaaaagactc cagtaacttatt ttaatttgta ttgaaagaagt tcagaaat taaaaggcagag 1316

catttttat gatatcattt tggtgttaa ttgaaagtat aatttgctgg aacacaaaga 1376

ccaaaatgaa agtttttcc tccctgctta aaaatgttagc agcttcttag ttactttgga 1436

acactactct tacatgtata aagtgattga ctggacttc tagcttccct tgtccggagg 1496

atattaaaat gctaggggtga ggtaggccttacttgg cttttacta ttaacatgtat 1556

gtactaaagt agagccctt gagaatacaa gatattatgt ataaaatgtat acactgatgtat 1616

tagttaata aagatgattt aatcc 1641

<210> 141

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 141

Met Ala Phe Ser Gly Ser Gln Ala Pro Tyr Leu Ser Pro Ala Val Pro

1

5

10

15

Phe Ser Gly Thr Ile Gln Gly Leu Gln Asp Gly Leu Gln Ile Thr

20

25

30

Val Asn Gly Thr Val Leu Ser Ser Gly Thr Arg Phe Ala Val Asn

35

40

45

Phe Gln Thr Gly Phe Ser Gly Asn Asp Ile Ala Phe His Phe Asn Pro

50

55

60

Arg Phe Glu Asp Gly Gly Tyr Val Val Cys Asn Thr Arg Gln Asn Gly
 65 70 75 80

Ser Trp Gly Pro Glu Glu Arg Lys Thr His Met Pro Phe Gln Lys Gly
 85 90 95

Met Pro Phe Asp Leu Cys Phe Leu Val Gln Ser Ser Asp Phe Lys Val
 100 105 110

Met Val Asn Gly Ile Leu Phe Val Gln Tyr Phe His Arg Val Pro Phe
 115 120 125

His Arg Val Asp Thr Ile Ser Val Asn Gly Ser Val Gln Leu Ser Tyr
 130 135 140

Ile Ser Phe Gln Pro Pro Gly Val Trp Pro Ala Asn Pro Ala Pro Ile
 145 150 155 160

Thr Gln Thr Val Ile His Thr Val Gln Ser Ala Pro Gly Gln Met Phe
 165 170 175

Ser Thr Pro Ala Ile Pro Pro Met Met Tyr Pro His Pro Ala Tyr Pro
 180 185 190

Met Pro Phe Ile Thr Thr Ile Leu Gly Gly Leu Tyr Pro Ser Lys Ser
 195 200 205

Ile Leu Leu Ser Gly Thr Val Leu Pro Ser Ala Gln Arg Phe His Ile

210

215

220

Asn Leu Cys Ser Gly Asn His Ile Ala Phe His Leu Asn Pro Arg Phe

225

230

235

240

Asp Glu Asn Ala Val Val Arg Asn Thr Gln Ile Asp Asn Ser Trp Gly

245

250

255

Ser Glu Glu Arg Ser Leu Pro Arg Lys Met Pro Phe Val Arg Gly Gln

260

265

270

Ser Phe Ser Val Trp Ile Leu Cys Glu Ala His Cys Leu Lys Val Ala

275

280

285

Val Asp Gly Gln His Leu Phe Glu Tyr Tyr His Arg Leu Arg Asn Leu

290

295

300

Pro Thr Ile Asn Arg Leu Glu Val Gly Asp Ile Gln Leu Thr His

305

310

315

320

Val Gln Thr

<210> 142

<211> 1616

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (72)..(1040)

<400> 142

aagtgcgttcc ctctacaaag gacttcctag tgggtgtgaa aggccagcggt ggccacagag 60

gcggcggaga g atg gcc ttc agc ggt tcc cag gct ccc tac ctg agt cca 110
 Met Ala Phe Ser Gly Ser Gln Ala Pro Tyr Leu Ser Pro

1	5	10
---	---	----

gct gtc ccc ttt tct ggg act att caa gga ggt ctc cag gac gga ctt 158
 Ala Val Pro Phe Ser Gly Thr Ile Gln Gly Gly Leu Gln Asp Gly Leu

15	20	25
----	----	----

cag atc act gtc aat ggg acc gtt ctc agc tcc agt gga acc agg ttt 206
 Gln Ile Thr Val Asn Gly Thr Val Leu Ser Ser Ser Gly Thr Arg Phe

30	35	40	45
----	----	----	----

gct gtg aac ttt cag act ggc ttc agt gga aat gac att gcc ttc cac 254
 Ala Val Asn Phe Gln Thr Gly Phe Ser Gly Asn Asp Ile Ala Phe His

50	55	60
----	----	----

ttc aac cct cgg ttt gaa gat gga ggg tac gtg gtg tgc aac acg agg 302
 Phe Asn Pro Arg Phe Glu Asp Gly Gly Tyr Val Val Cys Asn Thr Arg

65	70	75
----	----	----

cag aac gga agc tgg ggg ccc gag gag agg aag aca cac atg cct ttc 350
 Gln Asn Gly Ser Trp Gly Pro Glu Glu Arg Lys Thr His Met Pro Phe

80

85

90

cag aag ggg atg ccc ttt gac ctc tgc ttc ctg gtg cag agc tca gat 398

Gln Lys Gly Met Pro Phe Asp Leu Cys Phe Leu Val Gln Ser Ser Asp

95

100

105

ttc aag gtg atg gtg aac ggg atc ctc ttc gtg cag tac ttc cac cgc 446

Phe Lys Val Met Val Asn Gly Ile Leu Phe Val Gln Tyr Phe His Arg

110 115 120 125

gtg ccc ttc cac cgt gtg gac acc atc tcc gtc aat ggc tct gtg cag 494

Val Pro Phe His Arg Val Asp Thr Ile Ser Val Asn Gly Ser Val Gln

130

135

140

ctg tcc tac atc agc ttc cag cct ccc ggc gtg tgg cct gcc aac ccg 542

Leu Ser Tyr Ile Ser Phe Gln Pro Pro Gly Val Trp Pro Ala Asn Pro

145

150

155

gct ccc att acc cag aca gtc atc cac aca gtg cag agc gcc cct gga 590

Ala Pro Ile Thr Gln Thr Val Ile His Thr Val Gln Ser Ala Pro Gly

160

165

170

cag atg ttc tct act ccc gcc atc cca cct atg atg tac ccc cac ccc 638

Gln Met Phe Ser Thr Pro Ala Ile Pro Pro Met Met Tyr Pro His Pro

175

180

185

gcc tat ccg atg cct ttc atc acc acc att ctg gga ggg ctg tac cca 686

Ala Tyr Pro Met Pro Phe Ile Thr Thr Ile Leu Gly Gly Leu Tyr Pro

190

195

200

205

tcc aag tcc atc ctc ctg tca ggc act gtc ctg ccc agt gct cag agg 734

Ser Lys Ser Ile Leu Leu Ser Gly Thr Val Leu Pro Ser Ala Gln Arg

210

215

220

ttc cac atc aac ctg tgc tct ggg aac cac atc gcc ttc cac ctg aac 782.

Phe His Ile Asn Leu Cys Ser Gly Asn His Ile Ala Phe His Leu Asn

225

230

235

ccc cgt ttt gat gag aat gct gtg gtc cgc aac acc cag atc gac aac 830

Pro Arg Phe Asp Glu Asn Ala Val Val Arg Asn Thr Gln Ile Asp Asn

240

245

250

tcc tgg ggg tct gag gag cga agt ctg ccc cga aaa atg ccc ttc gtc 878

Ser Trp Gly Ser Glu Glu Arg Ser Leu Pro Arg Lys Met Pro Phe Val

255

260

265

cgt ggc cag agc ttc tca gtg tgg atc ttg tgt gaa gct cac tgc ctc 926

Arg Gly Gln Ser Phe Ser Val Trp Ile Leu Cys Glu Ala His Cys Leu

270

275

280

285

aag gtg gcc gtg gat ggt cag cac ctg ttt gaa tac tac cat cgc ctg 974

Lys Val Ala Val Asp Gly Gln His Leu Phe Glu Tyr Tyr His Arg Leu

290

295

300

agg aac ctg ccc acc atc aac aga ctg gaa gtg ggg ggc gac atc cag 1022

Arg Asn Leu Pro Thr Ile Asn Arg Leu Glu Val Gly Gly Asp Ile Gln

305

310

315

ctg acc cat gtg cag aca taggcggctt cctggccctg gggccggggg 1070

Leu Thr His Val Gln Thr

320

ctgggtgtg gggcagtctg gtcctctca tcatccccac ttcccaggcc cagcctttcc 1130

aaccctgcct gggatctggg cttaatgca gaggccatgt ctttgtctgg tcctgcttct 1190

ggctacagcc accctggaac ggagaaggca gctgacgggg attgccttcc tcagccgcag 1250

cagcacctgg ggctccagct gctggaatcc taccatccca ggaggcaggg acagccaggg 1310

agaggggagg agtgggcagt gaagatgaag cccatgctc agtccccctcc catccccac 1370

gcagctccac cccagtccta agccaccagc tgtctgctcc tggtgagg tggcctcctc 1430

agccccctcct ctctgacctt taacctact ctcacccctgc accgtgcacc aacccttcac 1490

ccctcctgga aagcaggcct gatggcttcc cactggcctc caccacctga ccagagtgtt 1550

ctcttcagag gactggctcc ttcccagtg tcctaaaaat aaagaaatga aaatgcttgt 1610

tggcac 1616

<210> 143

<211> 136

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 143

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Ala Leu Ser Cys Gly Phe Leu Asp Gln Arg His

100

105

110

Gly His Leu Ser Val Cys Leu Leu Thr Val Ala Phe Gly Gly Arg Phe

115

120

125

Leu Gln Pro Leu Met His Cys Val

130

135

<210> 144

<211> 1252

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(632)

<400> 144

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgcgggggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtcccggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag tttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgagggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta ttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380
 Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp
 40 45 50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428
 Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro
 55 60 65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476
 Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu
 70 75 80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524
 Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His
 85 90 95 100

atg gct ctt agc tgt ggt ttc ttg gac cag cgg cat gga cat ttg tca 572
 Met Ala Leu Ser Cys Gly Phe Leu Asp Gln Arg His Gly His Leu Ser
 105 110 115

gtt tgc ctt ctg acg gta gct ttt gga gga aga ttc ctg cag cca cta 620
 Val Cys Leu Leu Thr Val Ala Phe Gly Gly Arg Phe Leu Gln Pro Leu
 120 125 130

atg cat tgt gta tgataacaaa aactctggta tgacacattt tctgtgatca 672
 Met His Cys Val
 135

ttgttaatta gtgacatagt aacatctgta gcagctggtt agtaaacctc atgtgggggt 732

gggggtggggg tgtattcctt gggggatggt ttgggccaa tggggagtgg aatatttgac 792

attttcctg ttttaaattc taggatagat tttaacatcc tttgcggtcc cagtccaagg 852

taggctggtg tcatagtctt ctcaactccta atccatgacc actgttttt tcctatttat 912

atcaccaggt agcctactga gttaatattt aagttgtcaa tagataagtg tccctgtttt 972

gtggcataat ataactgaat ttcatgagaa gatttattcc accagggta ttcagcttt 1032

gaaaccaaat ctgtgtatct aatactaacc aatctgttgg atgtgggttt taaaaaatgt 1092

ttgctaaact acccaagtaa gatttactgt attaaatggc cttcgggtct gaaaagcttt 1152

ttaacctct tgcttaaat gcgtttatt ttgataagat acttcaaata gcctccaaaa 1212

gttagatcc aatcaactaa ataaacctgt atgtatatgc 1252

<210> 145

<211> 468

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser Cys Leu Gly Asp

1

5

10

15

Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg Gln Phe Gln Phe

20

25

30

Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln

35

40

45

Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg

50

55

60

Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro

65

70

75

80

Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu

85

90

95

Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser

100

105

110

Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu

115

120

125

Lys Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu

130

135

140

Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met

145 150 155 160

Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp

165

170

175

Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val

180 185 190

Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu

195 200 205

Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp

210 215 220

Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile

225 230 235 240

Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala

245 250 255

Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu

260 265 270

Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe

275 280 285

Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe

290 295 300

Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys

305 310 315 320

Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser

325

330

335

Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile

340

345

350

Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met

355

360

365

Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys

370

375

380

Trp Gly Gly Val Thr Val Gln Val Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile

385 390 395 400

Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala

405

410

415

Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu

420

425

430

Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr

435

440

445

Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala

450

455

460

Ala Ser Gly Ile

465

<210> 146

<211> 1943

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (379)..(1782)

<400> 146

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgcgggggg aatccgtcg 60

ggcgccttcc gtcccggtcc catcctcgcc gcgcctccagc acctctgaag tttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgagggaa ggagggagtg tggagagga gggagcaaaa agtcacccct 180

aaaacattta ttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaaatggct gggcaatta 240

tagaaaacat gagcaccaag aagctgtgca ttgttggtgg gattctgctc gtgttccaaa 300

tcatgcctt tctggggaa ggcttgattt ctccagggcc cacaacggca gtgtcctaca 360

tgtcggtgaa atgtgtgg atg ccc gta aga acc atc aca aga caa aat ggt 411

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly

1

5

10

tcg tgc ctt ggg gac cca atc att gtg aca aga tcc gag aca ttg aag 459

Ser Cys Leu Gly Asp Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys

15

20

25

agg caa ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg gac att gcc ttc 507

Arg Gln Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe

30

35

40

aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc tcc atg gac gtt 555

Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val

45

50

55

tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg act gaa atg gcc 603

Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala

60

65

70

75

cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc aca tct ccc aag 651

His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys

80

85

90

act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat gtc ctt cct ttc 699

Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe

95

100

105

atg gaa att ggg tct gtg gcc cat aag ttt tac ctt tta aac atc cgg 747

Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg

110

115

120

ctg cct gtg aat gag aag aag aaa atc aat gtg gga att ggg gag ata 795

Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile

125

130

135

aag gat atc cgg ttg gtg ggg atc cac caa aat gga ggc ttc acc aag	843		
Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys			
140	145	150	155
gtg tgg ttt gcc atg aag acc ttc ctt acg ccc agc atc ttc atc att	891		
Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile			
160	165	170	
atg gtg tgg tat tgg agg agg atc acc atg atg tcc cga ccc cca gtg	939		
Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg Pro Pro Val			
175	180	185	
ctt ctg gaa aaa gtc atc ttt gcc ctt ggg att tcc atg acc ttt atc	987		
Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile			
190	195	200	
aat atc cca gtg gaa tgg ttt tcc atc ggg ttt gac tgg acc tgg atg	1035		
Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met			
205	210	215	
ctg ctg ttt ggt gac atc cga cag ggc atc ttc tat gcg atg ctt ctg	1083		
Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu			
220	225	230	235
tcc ttc tgg atc atc ttc tgt ggc gag cac atg atg gat cag cac gag	1131		
Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp Gln His Glu			
240	245	250	

cg_g aac cac atc gca ggg tat tgg aag caa gtc gga ccc att gcc gtt 1179
 Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro Ile Ala Val
 255 260 265

ggc tcc ttc tgc ctc ttc ata ttt gac atg tgt gag aga ggg gta caa 1227
 Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg Gly Val Gln
 270 275 280

ctc acg aat ccc ttc tac agt atc tgg act aca gac att gga aca gag 1275
 Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu
 285 290 295

ctg gcc atg gcc ttc atc atc gtg gct gga atc tgc ctc tgc ctc tac 1323
 Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr
 300 305 310 315

t_{tc} ctg ttt cta tgc ttc atg gta ttt cag gtg ttt cgg aac atc agt 1371
 Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser
 320 325 330

ggg aag cag tcc agc ctg cca gct atg agc aaa gtc cgg cgg cta cac 1419
 Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg Arg Leu His
 335 340 345

tat gag ggg cta att ttt agg ttc aag ttc ctc atg ctt atc acc ttg 1467
 Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu
 350 355 360

gcc tgc gct gcc atg act gtc atc ttc ttc atc gtt agt cag gta acg 1515

Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser Gln Val Thr

365 370 375

gaa ggc cat tgg aaa tgg ggc ggc gtc aca gtc caa gtg aac agt gcc 1563

Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Val Thr Val Gln Val Asn Ser Ala

380 385 390 395

ttt ttc aca ggc atc tat ggg atg tgg aat ctg tat gtc ttt gct ctg 1611

Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu

400 405 410

atg ttc ttg tat gca cca tcc cat aaa aac tat gga gaa gac cag tcc 1659

Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser

415 420 425

aat gga atg caa ctc cca tgt aaa tcg agg gaa gat tgt gct ttg ttt 1707

Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe

430 435 440

gtt tcg gaa ctt tat caa gaa ttg ttc agc gct tcg aaa tat tcc ttc 1755

Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe

445 450 455

atc aat gac aac gca gct tct ggt att tgagtcaaca aggcaacaca 1802

Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

460 465

tgttatcag cttgcattt gcagttgtca cagtcacatt gattgtactt gtatacgcac 1862

acaaaatacac tcatttagcc tttatctcaa aatgttaaat ataaggaaaa aagcgtcaac 1922

aataaatatt ctttgagtat t 1943

<210> 147

<211> 460

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 147

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser Cys Leu Gly Asp

1	5	10	15
---	---	----	----

Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg Gln Phe Gln Gly

20	25	30
----	----	----

Lys Leu Lys Pro Met Thr Ser Cys Phe Leu Phe Thr Phe Pro Ser Pro

35	40	45
----	----	----

Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr

50	55	60
----	----	----

Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr

65	70	75	80
----	----	----	----

Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val

85	90	95
----	----	----

Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu

100 105 110

Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile

115 120 125

Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly

130 135 140

Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile

145 150 155 160

Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg

165 170 175

Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met

180 185 190

Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp

195 200 205

Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala

210 215 220

Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp

225 230 235 240

Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro

245 250 255

Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg

260 265 270

Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile

275 280 285

Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu

290 295 300

Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg

305 310 315 320

Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg

325 330 335

Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu

340 345 350

Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser

355 360 365

Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Ile Thr Val Gln Val

370 375 380

Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val

385 390 395 400

Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu

405

410

415

Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys

420

425

430

Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys

435

440

445

Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

450

455

460

<210> 148

<211> 1919

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (376)..(1755)

<400> 148

atcacagctc cgggcattgg gggAACCGA gcccgtcgcc ccggggaaat ccgtgcgggc 60

gccttccgtc ccgggtcccat cctcgccgctg ctccagcacc tctgaagttt tgcaagcccc 120

agaaaaggagg cgaggaagga gggagtgtat gagaggaggg agcaaaaagc tcaccctaaa 180

acatttattt caaggagaaaa agaaaaagggg gggcgcaaa aatggctggg gcaattata 240

aaaacatgag caccaagaag ctgtgcattg ttggggat tctgctcgtg ttccaaatca 300

tcgccttct ggtggaggc ttgattgctc cagggccac aacggcagtg tcctacatgt 360

cggtaaatg tgtgg atg ccc gta aga acc atc aca aga caa aat ggt tcg 411

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser

1

5

10

tgc ctt ggg gac cca atc att gtg aca aga tcc gag aca ttg aag agg 459

Cys Leu Gly Asp Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg

15

20

25

caa ttc caa ggg aaa ttg aag cca atg aca tcg tgt ttt ctg ttc aca 507

Gln Phe Gln Gly Lys Leu Lys Pro Met Thr Ser Cys Phe Leu Phe Thr

30

35

40

ttc ccc tcc ccc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt 555

Phe Pro Ser Pro Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe

45

50

55

60

gct gag tgg act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa 603

Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys

65

70

75

tgc acc ttc aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat 651

Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr

80

85

90

gaa tgt gat gtc ctt cct ttc atg gaa att ggg tct gtg gcc cat aag	699		
Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys			
95	100	105	
ttt tac ctt tta aac atc cgg ctg cct gtg aat gag aag aag aaa atc	747		
Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Lys Ile			
110	115	120	
aat gtg gga att ggg gag ata aag gat atc cgg ttg gtg ggg atc cac	795		
Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His			
125	130	135	140
caa aat gga ggc ttc acc aag gtg tgg ttt gcc atg aag acc ttc ctt	843		
Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu			
145	150	155	
acg ccc agc atc ttc atc att atg gtg tgg tat tgg agg agg atc acc	891		
Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr			
160	165	170	
atg atg tcc cga ccc cca gtg ctt ctg gaa aaa gtc atc ttt gcc ctt	939		
Met Met Ser Arg Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu			
175	180	185	
ggg att tcc atg acc ttt atc aat atc cca gtg gaa tgg ttt tcc atc	987		
Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile			
190	195	200	
ggg ttt gac tgg acc tgg atg ctg ctg ttt ggt gac atc cga cag ggc	1035		

Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly

205

210

215

220

atc ttc tat gcg atg ctt ctg tcc ttc tgg atc atc ttc tgt ggc gag 1083

Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu

225

230

235

cac atg atg gat cag cac gag cgg aac cac atc gca ggg tat tgg aag 1131

His Met Met Asp Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys

240

245

250

caa gtc gga ccc att gcc gtt ggc tcc ttc tgc ctc ttc ata ttt gac 1179

Gln Val Gly Pro Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp

255

260

265

atg tgt gag aga ggg gta caa ctc acg aat ccc ttc tac agt atc tgg 1227

Met Cys Glu Arg Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp

270

275

280

act aca gac att gga aca gag ctg gcc atg gcc ttc atc atc gtg gct 1275

Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala

285

290

295

300

gga atc tgc ctc tgc ctc tac ttc ctg ttt cta tgc ttc atg gta ttt 1323

Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe

305

310

315

cag gtg ttt cgg aac atc agt ggg aag cag tcc agc ctg cca gct atg 1371

Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met

320

325

330

agc aaa gtc cgg cgg cta cac tat gag ggg cta att ttt agg ttc aag 1419

Ser Lys Val Arg Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys

335

340

345

ttc ctc atg ctt atc acc ttg gcc tgc gct gcc atg act gtc atc ttc 1467

Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe

350

355

360

ttc atc gtt agt cag gta acg gaa ggc cat tgg aaa tgg ggc ggc atc 1515

Phe Ile Val Ser Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Ile

365 370 375 380

aca gtc caa gtg aac agt gcc ttt ttc aca ggc atc tat ggg atg tgg 1563

Thr Val Gln Val Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp

385

390

395

aat ctg tat gtc ttt gct ctg atg ttc ttg tat gca cca tcc cat aaa 1611

Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys

400

405

410

aac tat gga gaa gac cag tcc aat gga atg caa ctc cca tgt aaa tcg 1659

Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser

415

420

425

agg gaa gat tgt gct ttg ttt gtt tcg gaa ctt tat caa gaa ttg ttc 1707

Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe

430

435

440

agc gct tcg aaa tat tcc ttc atc aat gac aac gca gct tct ggt att 1755

Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

445 450 455 460

tgagtcaaca aggcaacaca tgtttatcag ctttgcattt gcagttgtca cagtcacatt 1815

gattgtactt gtatacgcac acaaatacac tcatttagcc tttatctcaa aatgttaaat 1875

ataaggaaaa aagcgtcaac aataaatatt ctttgagtat tgtc 1919

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val Pro

1 5 10 15

Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys Ile

20 25 30

Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn Val

35 40 45

Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val

50 55 60

Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg Tyr

65 70 75 80

Glu Glu Arg Ser Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr Leu

85 90 95

Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu Val

100 105 110

Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His Asn

115 120 125

Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ser

130 135 140

Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly Ala

145 150 155 160

Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val Phe

165 170 175

Asp Arg His Lys Met Leu Ser

180

<210> 150

<211> 1562

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (120)..(668)

<400> 150

tacggctgcg agaagacgac agaagggat taagagggag ggcgggaca actgggtctt 60

ttcggctgc agcggcttg taggtgtccg gcttgctgg cccagcaagc ctgataagc 119

atg aag ctc tta tct ttg gtg gct gtg gtc ggg tgt ttg ctg gtg ccc 167

Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val Pro

1

5

10

15

cca gct gaa gcc aac aag agt tct gaa gat atc cgg tgc aaa tgc atc 215

Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys Ile

20

25

30

tgt cca cct tat aga aac atc agt ggg cac att tac aac cag aat gta 263

Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn Val

35

40

45

tcc cag aag gac tgc aac tgc ctg cac gtg gag ccc atg cca gtg 311

Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val

50

55

60

cct ggc cat gac gtg gag gcc tac tgc ctg ctg tgc gag tgc agg tac 359

Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg Tyr

65

70

75

80

gag gag cgc agc acc acc acc atc aag gtc atc att gtc atc tac ctg 407

Glu Glu Arg Ser Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr Leu

85

90

95

tcc gtg gtg ggt gcc ctg ttg ctc tac atg gcc ttc ctg atg ctg gtg 455

Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu Val

100

105

110

gac cct ctg atc cga aag ccg gat gca tat act gag caa ctg cac aat 503

Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His Asn

115

120

125

gag gag gag aat gag gat gct cgc tct atg gca gca gct gct gca tcc 551

Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ser

130

135

140

ctc ggg gga ccc cga gca aac aca gtc ctg gag cgt gtg gaa ggt gcc 599

Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly Ala

145

150

155

160

cag cag cgg tgg aag ctg cag gtg cag gag cag cgg aag aca gtc ttc 647

Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val Phe

165

170

175

gat cgg cac aag atg ctc agc tagatggcgt ggtgtggttg ggtcaaggcc 698

Asp Arg His Lys Met Leu Ser

180

ccaacaccat ggctgccagc ttccaggctg gacaaagcag ggggctactt ctcccttccc 758

tcggttccag tcttcccttt aaaaggcctgt ggcattttc ctccttctcc ctaactttag 818

aaatgttgta cttggctatt ttgatttaggg aagagggatg tggctctga tctccgttgt 878

cttcttgggt ctttggggtt gaagggaggg ggaaggcagg ccagaaggga atggagacat 938

tcgaggcggc ctcaggagtg gatgcgatct gtctctcctg gctccactct tgccgccttc 998

cagctctgag tcttgggaat gttgttaccc ttggaagata aagctgggtc ttcaggaact 1058

cagtgtctgg gaggaaagca tggcccagca ttcagcatgt gttcctttct gcagtggttc 1118

tttatcacca cctccctccc agccccagcg cctcagcccc agccccagct ccagccctga 1178

ggacagctct gatgggagag ctggggccccc tgagccact gggtcttcag ggtgcactgg 1238

aagctggtgt tcgctgtccc ctgtgcactt ctcgactgg ggcatggagt gcccatgcat 1298

actctgctgc cggccccctc acctgcactt gaggggtctg ggcagtcct cctctcccc 1358

gtgtccacag tcactgagcc agacggtcgg ttggaacatg agactcgagg ctgagcgtgg 1418

atctgaacac cacagccct gtacttgggt tgcctcttgt ccctgaactt cgttgtacca 1478

gtgcatggag agaaaatttt gtccttttgt ctttagagttg tggtaaatc aaggaagcca 1538

tcattaaatt gtttatttc tctc

1562

<210> 151

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 151

cttctgctct aaaagctgcg

20

<210> 152

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 152

cgacctgcag ctcgagcaca

20

【0132】

【配列表フリー テキスト】

配列番号151及び152：プライマー

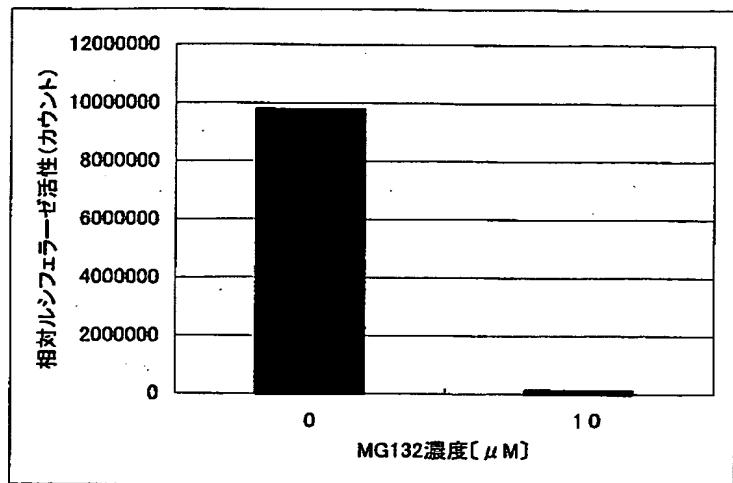
【図面の簡単な説明】

【図1】

図1は、実施例3のプロテアソーム阻害剤MG132によるNF- κ Bのレポーター活性抑制を示す図である。図中で横軸は、MG132濃度、縦軸は、相対ルシフェラーゼ活性を示す。

【書類名】 図面

【図1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 N F - κ B の過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防等に使用される N F - κ B 作用を有するタンパク質の提供。

【解決手段】 ヒト肺線維芽細胞から作製した c D N A ライブラリーから、プラスミド p N F κ B - L u c を用いて、 N F - κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする c D N A をクローニングして、その D N A 配列およびそれより推定されるアミノ酸配列を決定した。同タンパク質、これをコードする D N A , 同 D N A を含有する組換えベクターおよび同組換えベクターを含有する形質転換体は、 N F - κ B の活性化を阻害または作動する物質のスクリーニングに使用される。

【選択図】 なし

出願人履歴情報

識別番号 [000000033]

1. 変更年月日 2001年 1月 4日

[変更理由] 名称変更

住所 大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号
氏名 旭化成株式会社